10/529319
25 MAR 2005

#2

FR03/3293

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 14 NOV. 2003

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

DOCUMENT DE PRIORITÉ

PRÉSENTÉ OU TRANSMIS
CONFORMÉMENT À LA
RÈGLE 17.1.a) OU b)

Martine PLANCHE

BEST AVAILABLE COPY

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint Petersburg
75800 PARIS cedex 08
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23
www.inpi.fr



26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI



REQUÊTE EN DÉLIVRANCE page 1/2



Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 540 • W / 2105

REMISE DES PIÈCES DATE 5 NOV 2002 LIEU 13 INPI MARSEILLE N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI 0213792 DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE PAR L'INPI - 5 NOV. 2002		1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE CABINET BEAU DE LOMENIE 232, Avenue du Prado 13295 MARSEILLE Cedex 8	
Vos références pour ce dossier (facultatif) H52 437 C10/MD			
Confirmation d'un dépôt par télécopie <input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie			
2 NATURE DE LA DEMANDE		Cochez l'une des 4 cases suivantes	
Demande de brevet <input checked="" type="checkbox"/>			
Demande de certificat d'utilité <input type="checkbox"/>			
Demande divisionnaire <input type="checkbox"/>			
Demande de brevet initiale N° _____ Date _____			
ou demande de certificat d'utilité initiale N° _____ Date _____			
Transformation d'une demande de brevet européen <i>Demande de brevet initiale</i> <input type="checkbox"/> N° _____ Date _____			
3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum) Identification moléculaire des bactéries du genre Streptococcus et genres apparentés			
4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ <input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale _____		UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II)	
Prénoms _____			
Forme juridique _____		Etablissement Public	
N° SIREN _____		_____	
Code APE-NAF _____		_____	
Domicile ou siège	Rue	Jardin du Pharo 58, Boulevard Charles-Livon	
	Code postal et ville	13 28 4 MARSEILLE Cedex 07	
	Pays	FRANCE FRANCAISE	
Nationalité _____			
N° de téléphone (facultatif) _____		N° de télécopie (facultatif) _____	
Adresse électronique (facultatif) _____			
<input checked="" type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»			

Réservé à l'INPI

REMISE DES PIÈCES
DATE

LIEU **5 NOV 2002**

13 INPI MARSEILLE

N° D'ENREGISTREMENT

NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

0213792

DB 540 W / 210502

6 MANDATAIRE (s'il y a lieu)

Nom

HERARD

Prénom

Paul

Cabinet ou Société

CABINET BEAU DE LOMENIE

N° de pouvoir permanent et/ou
de lien contractuel

Adresse

Rue

232, Avenue du Prado

Code postal et ville

13 12 19 15 MARSEILLE Cedex 08

Pays

FRANCE

N° de téléphone (facultatif)

04 91 76 55 30

N° de télécopie (facultatif)

04 91 77 97 09

Adresse électronique (facultatif)

7 INVENTEUR (S)

Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques

Les demandeurs et les inventeurs
sont les mêmes personnes

☐ Oui

☒ Non : **Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)**

8 RAPPORT DE RECHERCHE

Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)

Établissement immédiat
ou établissement différé

☒

☐

Paiement échelonné de la redevance
(en deux versements)

Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt

☐ Oui

☐ Non

**9 RÉDUCTION DU TAUX
DES REDEVANCES**

Uniquement pour les personnes physiques

☐ Requête pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition)

☐ Obtenue antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence) : AG

**10 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES
ET/OU D'ACIDES AMINÉS**

☒ Cochez la case si la description contient une liste de séquences

Le support électronique de données est joint

☒

La déclaration de conformité de la liste de
séquences sur support papier avec le
support électronique de données est jointe

☒

Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite»,
indiquez le nombre de pages jointes

1

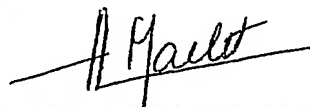
**11 SIGNATURE DU DEMANDEUR
OU DU MANDATAIRE**

(Nom et qualité du signataire)

Paul HERARD
(CPI 94-1205)



**VISA DE LA PRÉFECTURE
OU DE L'INPI**



Identification moléculaire des bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés

La présente invention concerne le domaine du diagnostic. Plus
5 précisément, l'invention concerne une méthode pour l'identification moléculaire des bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella* par les techniques de détection et/ou d'amplification et séquençage à l'aide de sondes ou d'amorces oligonucléotidiques appliquées à des souches de ces genres bactériens.

10 Les bactéries du genre *Streptococcus* et de quatre genres apparentés : *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, sont des bactéries cocciformes, gram positif et catalase négative dont on reconnaît actuellement plus d'une quarantaine d'espèces. Les bactéries du genre *Lactococcus*, précédemment classées parmi les streptocoques comme *Streptococcus* groupe
15 N, n'entrent pas dans le champ de ce brevet du fait de leur rareté en pathologie humaine, et du fait qu'elles sont facilement discriminées des streptocoques par leur croissance à + 10°C. Le genre *Streptococcus* comporte officiellement 55 espèces. Le genre *Gemella* comporte 6 espèces, le genre *Abiotrophia* comporte 1 espèce, le genre *Granulicatella* comporte 3 espèces, le genre *Enterococcus*
20 comporte 24 espèces [www.springer-ny.com/bergeysoutline/main.htm]. Ces espèces sont facilement et fréquemment cultivées à partir de prélèvements environnementaux, de prélèvements cliniques vétérinaires et de prélèvements cliniques humains [Ruoff KI. (1999) in Manuel of Clinical Microbiology, pp. 283-296, ASM press]. Chez l'homme, différentes espèces du genre *Streptococcus*
25 sont responsables d'infections communautaires éventuellement sévères du fait du caractère invasif des streptocoques considérés ou du fait de la production de toxines et de manifestations cliniques éventuellement graves à distance du foyer infectieux. Par exemple, *Streptococcus pyogenes* (Streptocoque groupe A) est responsable d'angines et de syndromes post-streptococciques incluant le
30 rhumatisme articulaire aigu au cours duquel la destruction des valves cardiaques par un processus inflammatoire est responsable d'une valvulopathie éventuellement mortelle. Egalement, plusieurs espèces du genre *Streptococcus* en particulier les Streptocoques du groupe A, du groupe C, et du groupe G sont

responsables d'infections invasives mortelles en particulier de myosite c'est-à-dire de destruction des tissus cutanés et sous cutanés et du tissu musculaire comme cela a été décrit depuis quelques années. Egalement par exemple *Streptococcus pneumoniae* (pneumocoque) est responsable de pneumonie, de

5 méningite et de septicémie. Par ailleurs, les bactéries des genres *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia*, et *Granulicatella* sont responsables d'endocardites c'est-à-dire d'infection des valves cardiaques chez l'homme, lesquelles constituent des maladies infectieuses mortelles [Casalta JP et al. Journal Clinical Microbiology, 2002, 40 : 1845-1847]. Egalement, certaines

10 espèces des genres considérés sont responsables d'infections nosocomiales, par exemple, les bactéries du genre *Streptococcus* du groupe A sont responsables de bactériémies qui succèdent à des explorations par endoscopie digestive. Egalement, les bactéries du genre *Enterococcus* sont responsables d'infections urinaires nosocomiales après utilisation d'antibio-prophylaxie par des

15 antibiotiques de la famille des céphalosporines auxquelles elles sont naturellement résistantes. Ces espèces bactériennes posent par ailleurs le problème de leur résistance croissante aux antibiotiques, résistance à la pénicilline G de *Streptococcus pneumoniae* [Garav J. Lancet Infect. Dis. 2002, 2 : 404-415] et résistance à la vancomycine d'*Enterococcus* spp. [Gold H.S. Clin. Infect. Dis. 2001, 33 : 210-219 ; Bonten M.J. et al. Lancet Infect. Dis. 2001,

20 1 : 314-325].

Ces différentes espèces bactériennes posent le problème de leur détection dans les prélèvements pathologiques chez l'homme et de leur identification lorsqu'elles ont été isolées à partir desdits prélèvements. Les

25 méthodes conventionnelles de détection reposent en effet sur la mise en évidence de bactéries cocciformes gram positif, à l'examen direct du produit pathologique. Il est cependant connu que cette détection microscopique des bactéries du genre *Streptococcus* et de genres apparentés dans les prélèvements cliniques a un seuil de sensibilité de 10^4 CFU/ml. Il est donc tout à

30 fait possible qu'un prélèvement pathologique chez l'homme ou chez l'animal contienne une des espèces considérées qui ne soit pas détectée à l'examen microscopique direct de ce prélèvement pathologique. Par ailleurs, bien que leur structure soit celle de bactéries Gram – positif, elles peuvent apparaître

faussement Gram-négatif après coloration de Gram du prélèvement pathologique et donner lieu à une identification erronée ou à une impasse d'identification. Ceci est particulièrement fréquent pour les bactéries du genre *Gemella*. Chez l'homme, c'est en particulier le cas lors de l'examen anatomopathologique et bactériologique des valves cardiaques dans le cas d'une endocardite.

Lorsque qu'une bactérie d'une espèce des genres considérés est isolée au laboratoire, les méthodes conventionnelles d'identification phénotypique sont les plus couramment utilisées pour l'identification des bactéries des espèces du genre *Streptococcus* et des genres apparentés et plusieurs troupes d'identification ainsi que des automates ont été développés pour aider à l'identification phénotypique des bactéries du genre *Streptococcus* et des genres apparentés. Sur ce plan, le degré d'identification en pratique courante est variable. En particulier, un des tests utilisés pour l'identification des Streptocoques et des bactéries des genres apparentés est l'observation d'une réaction hémolytique, c'est-à-dire la destruction par la bactérie des hématies contenues dans une gélose au sang. Cependant cette réaction d'hémolyse peut être inhibée par la présence d'oxygène ou par la présence de peroxyde lorsque les bactéries Streptocoques sont cultivées en présence de concentration importante de dioxyde de carbone. Il est par ailleurs reconnu qu'il existe un certain degré de subjectivité dans l'appréciation de l'hémolyse par les colonies de Streptocoques et donc une variabilité d'inter opérateur qui nuit ensuite à la qualité de l'identification de ces bactéries. Pour les streptocoques alpha-hémolytiques, un deuxième test est celui de la sensibilité à l'optochine qui permet de reconnaître *Streptococcus pneumoniae* qui est sensible à ce composé. Cependant, des souches de *Streptococcus pneumoniae* résistant à l'optochine ont été rapportées [Lund E. Acta Patho. Microbiol. Immunol. Scand. 1959, 47, 308-315]. Un dernier test phénotypique est le sérotypage, ce test peut être faussement positif en particulier pour les streptocoques de sérogroupe D du fait d'antigénicité croisée entre les streptocoques du groupe D, *Enterococcus* et *Pediococcus*.

Plusieurs systèmes moléculaires ont été développés pour l'identification de certains sérogroupes ou de certaines espèces du genre *Streptococcus*, en

particulier les streptocoques du groupes A (*Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus intermedius*) et du groupe B (*Streptococcus agalactiae*) [Daly J.A. et al. J Clin Microbiol. 1991, 29 : 80-82 ; Heelan J.S. et al. Diagn. Microbiol. Infect. Dis. 1996, 24 : 65-69] de même que pour *Streptococcus pneumoniae* [Denys G.A. et Carrey R.B. J. Clin. Microbiol. 1992,30 : 2725-2727] par hybridation de sondes spécifiques ciblant le gène codant l'ARN ribosomal 16S. Egalement, différents systèmes basés sur l'amplification par PCR de gènes codant pour des toxines ou des facteurs de virulence ont été développés pour la discrimination de *Streptococcus pneumoniae* parmi les Streptocoques α -hémolytiques [Salo P. et al. J. Infect. Dis. 1995, 171 : 479-482 ; Morrisson K. et al. J. Clin. Microbiol. 2000, 38, 434-437 ; Kaijalainen T. et al. J. Microbiol. Meth. 2002, 51 : 111-118], ainsi que pour la détection de *Streptococcus agalactiae* [Mawn J.A. et al. J. Clin. Pathol. 1993, 46 : 633-636]. Ces différents systèmes cependant ne permettent l'identification que d'une ou quelques espèces du genre *Streptococcus*.

Un système d'identification de trois espèces de streptocoque a été développé, basé sur l'amplification de l'entretoise 16S-23S [Forsman P. et al. Microbiology, 1997, 143, 3491-3500], mais l'identification n'a été limitée dans ce travail qu'à certaines espèces d'intérêt animal : *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus dysgalactiae* et *Streptococcus uberis*. Par ailleurs, il est actuellement indispensable de disposer dans les laboratoires de 2 cibles moléculaires distinctes pour la détection et l'identification des streptocoques, ceci afin de pallier les risques de contamination moléculaire inhérents à l'utilisation d'une seule cible.

Enfin, aucun système de détection et d'identification des genres apparentés à *Streptococcus* n'a été développé et plus particulièrement pour les bactéries du genre *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*.

Les inventeurs ont démontré selon la présente invention, que le gène *rpoB* constitue un marqueur génétique permettant la détection et l'identification spécifique de la bactérie de chaque espèce du genre *Streptococcus* et de 4 genres apparentés : *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*.

Bien que ce gène ait été précédemment montré comme un outil d'identification bactérienne dans différents genres bactériens, aucune publication

ne fait mention de son utilisation pour l'identification des bactéries des genres *Streptococcus* et des quatre genres apparentés et il n'y avait donc aucune suggestion quant à l'intérêt de la séquence de ce gène pour l'identification des dites bactéries. Au contraire, quelques séquences partielles du gène *rpoB* chez
 5 quelques espèces, disponibles dans GenBank montrait une faible hétérogénéité, faisant douter de l'intérêt de ce gène comme outil d'identification pour ces bactéries. Enfin, les inventeurs ont développé un outil d'identification de quatre genres bactériens simultanément, obligeant la mise au point d'amorces dégénérées qui ne pouvaient être déduites d'aucune des séquences *rpoB*
 10 déterminées pour chaque espèce.

Plus particulièrement, la présente invention concerne des séquences d'acides nucléiques spécifiques du genre ou de chaque espèce du genre *Streptococcus* et des genres apparentés dont la séquence nucléotidique est tirée du gène *rpoB* des dites bactéries.

15 Selon Lazcano et al. [J. Mol. Evol. (1988) 27 :365-376], les ARN polymérases sont divisées en deux groupes selon leur origine, l'un constitué par les ARN polymérases virales ARN- ou ADN-dépendantes, et l'autre constitué par les ARN polymérases ADN-dépendantes d'origine eucaryote ou procaryotes (archaébactéries et eubactéries). Les ARN polymérases ADN-dépendantes
 20 eubactériennes sont caractérisées par une constitution multimérique simple et conservée notée « core enzyme », représentée par $\alpha\beta\beta'$, ou « holoenzyme » représentée par $\alpha\beta\beta'\sigma$ [Yura and Ishihama, Ann. Rev. Genet. (1979) 13 :59-97].

De nombreux travaux ont mis en évidence le rôle fonctionnel, au sein du complexe enzymatique multimérique, de la sous-unité β de l'ARN polymérase
 25 eubactérienne. Les ARN polymérases archaébactérienne et eucaryote présentent, pour leur part, une structure plus complexe pouvant atteindre une dizaine, voire une trentaine de sous-unités [Pühlet et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1989) 86 :4569-4573].

Les gènes qui codent les différentes sous-unités $\alpha\beta\beta'\sigma$ de l'ARN
 30 polymérase ADN-dépendante chez les eubactéries, respectivement les gènes *rpoA*, *rpoB*, *rpoC* et *rpoD*, sont classés en différents groupes comprenant les gènes codant pour des protéines constitutives des sous-unités ribosomiques ou pour des enzymes impliqués dans la réplication et la réparation du génome

[Yura and Yshihma, Ann. Rev. Genet. (1979) 13 :59-97]. Certains auteurs ont montré que les séquences des gènes *rpoB* et *rpoC* pouvaient être utilisées afin de construire des arbres phylogénétiques [Rowland et al. Biochem. Soc. Trans. (1992) 21 :40S] permettant de séparer les différents embranchements et sous-
 5 embranchements parmi les règnes du vivant.

Avant d'exposer plus en détail l'invention, différents termes, utilisés dans la description et les revendications, sont définis ci-après :

- Par « acide nucléique extrait de bactéries » on entend soit l'acide nucléique total, soit l'ADN génomique, soit les ARN messagers, soit encore
 10 l'ADN obtenu à partir de la transcription inverse des ARN messagers.
- Un « fragment nucléotidique » ou un « oligonucléotide » sont deux termes synonymes désignant un enchaînement de motifs nucléotidiques caractérisé par une séquence informationnelle des acides nucléiques
 15 naturels (ou éventuellement modifiés) et susceptibles de s'hybrider, comme les acides nucléiques naturels, avec un fragment nucléotidique complémentaire ou sensiblement complémentaire, dans des conditions prédéterminées de stringence stricte. L'enchaînement peut contenir des motifs nucléotidiques de structure différente de celle des acides nucléiques naturels. Un fragment nucléotidique (ou oligonucléotide) peut contenir par
 20 exemple jusqu'à 100 motifs nucléotidiques. Il contient généralement au moins 10, et en particulier au moins 12 motifs nucléotidiques et peut être obtenu à partir d'une molécule d'acide nucléique naturelle et/ou par recombinaison génétique et/ou par synthèse chimique.
- Un motif nucléotidique est dérivé d'un monomère qui peut être un
 25 nucléotide naturel d'acide nucléique dont les éléments constitutifs sont un sucre, un groupement phosphate et une base azotée choisie parmi l'adénine (A), la guanine (G), l'uracile (U), la cytosine (C), la thymine (T) ; ou bien le monomère est un nucléotide modifié dans l'un au moins des trois éléments constitutifs précédents ; à titre d'exemple, la modification
 30 peut intervenir soit au niveau des bases, avec des bases modifiées telles que l'inosine, qui peut s'hybrider avec toute base A, T, U, C ou G, la méthyl-5-désoxycytidine, la désoxyuridine, la diméthylamino-5-désoxyuridine ou toute autre base modifiée capable d'hybridation, soit au

niveau du sucre, par exemple le remplacement d'au moins un désoxyribose par un polyamide [Nielsen PE et al., Science (1991) 254:1497-1500], soit encore au niveau du groupement phosphate, par exemple par remplacement par des esters choisis notamment parmi les diphosphates, les alkylphosphonates et les phosphorothioates.

- Par « hybridation », on entend le processus au cours duquel, dans des conditions appropriées, deux fragments nucléotidiques ayant des séquences suffisamment complémentaires sont susceptibles de s'associer par des liaisons hydrogène stables et spécifiques, pour former un double brin. Les conditions d'hybridation sont déterminées par la « stringence », c'est à dire la rigueur des conditions opératoires. L'hybridation est d'autant plus spécifique qu'elle est effectuée à plus forte stringence. La stringence est fonction notamment de la composition en bases d'un duplex sonde/cible, ainsi que par le degré de mésappariement entre deux acides nucléiques. La stringence peut également être fonction des paramètres de la réaction d'hybridation, tels que la concentration et le type d'espèces ioniques présentes dans la solution d'hybridation, la nature et la concentration d'agents dénaturants et/ou la température d'hybridation. La stringence des conditions dans lesquelles une réaction d'hybridation doit être réalisée dépend notamment des sondes utilisées. Toutes ces données sont bien connues et les conditions appropriées peuvent éventuellement être déterminées dans chaque cas par des expériences de routine. En général, selon la longueur des sondes utilisées, la température pour la réaction d'hybridation est comprise entre environ 20 et 65°C, en particulier entre 35 et 65°C dans une solution saline à une concentration d'environ 0,8 à 1 M.

- Une « sonde » est un fragment nucléotidique possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour former un complexe d'hybridation avec un acide nucléique ayant, dans le cas présent, une séquence nucléotidique comprise soit dans un ARN messenger, soit dans un ADN obtenu par transcription inverse dudit ARN messenger, produit de transcription ; une sonde peut être utilisée à des fins de diagnostic (notamment sondes de capture ou de détection) ou à des fins de thérapie,

- Une « sonde de capture » est une sonde immobilisée ou immobilisable sur un support solide par tout moyen approprié, par exemple par covalence, par adsorption, ou par synthèse directe sur un solide. Des exemples de supports comprennent les plaques de microtitration et les puces à ADN.
- 5 - Une « sonde de détection » est une sonde marquée au moyen d'un agent marqueur choisi par exemple parmi les isotopes radioactifs, les enzymes, en particulier les enzymes susceptibles d'agir sur un substrat chromogène, fluorigène ou luminescent (notamment une peroxydase ou une phosphatase alcaline), les composés chimiques chromophores, les
- 10 composés chromogènes, fluorigènes ou luminescents, les analogues des bases nucléotidiques et les ligands tels que la biotine.
- Une « sonde d'espèce » est une sonde permettant l'identification spécifique de l'espèce d'une bactérie.
- Une « sonde de genre » est une sonde permettant l'identification
- 15 spécifique du genre d'une bactérie.
- Une « amorce » est une sonde comprenant par exemple 10 à 100 motifs nucléotidiques et possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour les réactions d'amplification enzymatique.
- Par « réaction d'amplification » on entend une réaction de polymérisation
- 20 enzymatique, par exemple dans une technique d'amplification telle que la PCR, initiée par des oligonucléotides amorces et utilisant une ADN polymérase.
- Par « réaction de séquençage », on entend l'obtention de la séquence d'un fragment d'acide nucléique ou d'un gène complet par un procédé de polymérisation abortive à partir d'amorces oligonucléotidiques et utilisant
- 25 lesdits didésoxynucléotides (Sanger F, Coulson AR (1975), J.Mol.Biol. 94 : 441) ou hybridations multiples avec des sondes multiples fixées sur support solide telles qu'utilisées dans les puces ADN par exemple.

Les inventeurs ont déterminé les séquences complètes des gènes *rpoB* de deux espèces de bactéries du genre *Streptococcus*: *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus*, d'*Abiotrophia defectiva*, et une très large portion du gène pour *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis*. Ces espèces ont été choisies par les inventeurs comme représentant les principaux

groupes génétiques déterminés sur la base de l'étude du gène 16S dans les bactéries du genre *Streptococcus* et genres apparentés, encadrant l'ensemble des espèces actuellement décrites dans ce genre, de sorte que l'alignement des séquences *rpoB* obtenues chez ces espèces puisse encadrer
 5 vraisemblablement l'ensemble des séquences *rpoB* de toutes les espèces de ces genres bactériens plus précisément, il s'agit donc des espèces phylogénétiquement les plus divergentes parmi l'ensemble des espèces actuellement décrites dans ce genre, de sorte que l'alignement des séquences *rpoB* obtenu chez ces espèces puisse encadrer phylogénétiquement
 10 vraisemblablement l'ensemble des séquences *rpoB* de toutes les espèces de ce genre bactérien.

A partir de ces séquences complètes ou quasi complètes et après de nombreuses tentatives infructueuses tel que rapporté dans les exemples 1 et 2 ci-après, les inventeurs ont mis en évidence les séquences consensus et
 15 spécifiques SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3', et

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

- N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
- 20 - R représente A ou G,
- M représente A ou C, et
- Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

Les inventeurs ont déterminé lesdites séquences SEQ.ID.n°6 et 7 comme
 25 étant non seulement consensuelles entre toutes les bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés mais en outre spécifiques de la famille des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

A la position correspondant à un nucléotide N, Y, M ou R dans les séquences SEQ.ID. n°6 et 7 on trouve des nucléotides variables dans les
 30 séquences cibles complémentaires en fonction de l'espèce de la bactérie considérée, mais tous les autres nucléotides sont conservés dans toutes les espèces des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Des séquences SEQ.ID n°6 et 7 ainsi définies sont présentes dans les gènes *rpoB* de toute bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et spécifiques des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et peuvent donc être utilisées à titre de sonde de genre pour
 5 détecter toute bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

La présente invention a donc pour objet un oligonucléotide qui comprend une séquence d'au moins 12, de préférence de 18 à 35, motifs nucléotidiques consécutifs incluse dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3', et
- 10 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

- N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,
- R représente A ou G,
- M représente A ou C, et
- 15 - Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à
 20 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G,
- 25 - Y représente C ou T,
- M représente A ou C, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange
 30 d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',
dans laquelle :

- R représente A ou G,
- Y représente C ou T,
- 5 - M représente A ou C, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange
d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de
10 séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à
35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs,
incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

- 15 - R représente A ou G, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

La présente invention a également pour objet un mélange
d'oligonucléotides, constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de
20 séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à
35, de préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs,
incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

- 25 - R représente A ou G, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

Lesdits mélanges d'oligonucléotides peuvent s'hybrider avec la séquence
complémentaire incluse dans le gène *rpoB* de toutes les bactéries du genre
30 *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Pour préparer un dit mélange équimolaire d'oligonucléotides selon les
synthèses d'oligonucléotides connues de l'homme de l'art, il suffit de mettre en

œuvre un mélange équimolaire de 4 ou 2 nucléotides pour les nucléotides correspondant à N ou respectivement K, N, R ou Y, à savoir :

- un mélange équimolaire des 4 nucléotides, A, T, C et G pour les nucléotides correspondant à N dans lequel N représente A, T, C ou G, et
- 5 - un mélange équimolaire des 2 nucléotides T et G pour les nucléotides correspondant à K,
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides A et C pour les nucléotides correspondant à N,
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides A et G pour les nucléotides
- 10 correspondant à R, et
- un mélange équimolaire des 2 nucléotides C et T pour un nucléotide représenté par Y.

Dans lesdits mélanges équimolaires d'oligonucléotides selon l'invention, du fait que « N » représente l'inosine qui peut s'hybrider avec toute base ou un

15 mélange équimolaire des 4 bases A, T, C, G, les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 peuvent s'hybrider avec la séquence complémentaire incluse dans le gène *rpoB* de toutes les bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

En outre, ces séquences consensus SEQ.ID. n° 6 et SED ID n° 7 encadrent des séquences hyper variables dont la séquence est spécifique pour

20 chaque espèce de bactérie du genre *Streptococcus*. Ces séquences encadrées par SEQ.ID. n° 6 et 7 peuvent donc être utilisées à titre de sonde d'espèce des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

De plus, les séquences SEQ.ID. n°6 et 7 ont été déterminées comme encadrant un fragment du gène *rpoB* comprenant une zone dont la longueur

25 variable est d'environ 720 pb et comme constituant la plus courte séquence spécifique pour chaque espèce de la bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Les inventeurs ont ainsi pu mettre en évidence des sondes d'espèce pour chacune des 28 espèces de bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres

30 apparentés étudiées correspondant aux séquences SEQ.ID.n° 8 à 35 décrites à l'exemple 2 ci-après, encadrées par les séquences consensus SEQ.ID.n° 6 et 7.

Un autre objet de la présente invention est un gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *streptococcus* ou d'un desdits 4 genres

apparentés, caractérise en ce qu'il comprend une séquence telle que décrite dans les séquences SEQ ID n° 8 à 35 décrites à l'exemple 2, les séquences inverses et séquences complémentaires.

Un autre objet de la présente invention est la séquence complète du gène *rpoB* des bactéries, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus* et *Abiotrophia defectiva* telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 3, utiles notamment pour un procédé selon l'invention.

Un autre objet de la présente invention est la séquence quasi complète du gène *rpoB* des bactéries *Streptococcus mutans* et *Enterococcus faecalis* telles que décrites dans les séquences SEQ.ID n°4 et 5, utiles notamment pour un procédé selon l'invention.

Dans les séquences SEQ.ID n° 1 à 5 et 8 à 35 décrites dans le listage de séquences en fin de description :

- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I

Les séquences consensus SEQ.ID.n° 6 et 7 mises en évidence selon la présente invention, peuvent être utilisées à titre d'amorce d'amplification ou de réaction de séquençage dans des procédés de détection de bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés par identification moléculaire.

Les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 permettent donc non seulement de préparer des sondes de genre des bactéries du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés mais aussi de détecter et identifier l'espèce de ladite bactérie par amplification et séquençage en utilisant lesdites séquences comme amorces.

La séquence complète du gène *rpoB* peut être utilisée pour identifier la bactérie pas seulement par l'étude de sa séquence primaire, mais aussi, par l'étude des structures secondaire et tertiaire de l'ARN messager provenant de la transcription de la séquence complète d'ADN.

Un autre objet de la présente invention est un oligonucléotide choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence consistant dans les séquences SEQ.ID.n°6 à 35 et parmi les oligonucléotides de séquences inverses ou complémentaires tels que définis ci-dessus.

5 Les oligonucléotides, fragments de gène et gènes objets de la présente invention, ont été décrits comme comportant des séquences d'ADN, c'est-à-dire avec des oligonucléotides A, T, C et G. Toutefois, la présente invention a également pour objet des oligonucléotides comprenant des séquences d'ARN correspondantes, c'est-à-dire dans lesquelles T est remplacé par U.

10 Les séquences SEQ.I. n°6 à 35 peuvent être préparées par synthèse chimique en utilisant les techniques bien connues de l'homme du métier et décrites par exemple dans l'article de Itakura K. et al. [(1984) Annu. Rev. Biochem. 53 : 323].

Une première application d'un oligonucléotide selon l'invention est son utilisation comme sonde pour la détection, dans un échantillon biologique, de bactéries de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés qui comprend une séquence nucléotidique dans l'une des séquences SEQ.ID. n°6 à 35, et leurs séquences inverses ou complémentaires.

20 Une sonde comprenant les séquences SEQ.ID.n° 6 et 7 sera utilisée à titre de sonde de genre et une sonde comprenant l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 sera utilisée à titre de sonde d'espèce.

Les sondes selon l'invention peuvent être utilisées, à des fins de diagnostic, comme mentionné précédemment, par la détermination de la formation ou de l'absence de formation d'un complexe d'hybridation entre la sonde et un acide nucléique cible dans un échantillon, selon toutes les techniques d'hybridation connues et notamment les techniques de dépôt ponctuel sur filtre, dites « DOT-BLOT » [Maniatis et al. (1982) Molecular Cloning, Cold Spring Harbor], les techniques de transfert d'ADN dites « SOUTHERN BLOT » [Southern E.M., J. Mol. Biol. (1975) 98 :503], les techniques de transfert d'ARN dites « NORTHERN BLOT », ou les techniques dites « sandwich », en particulier avec une sonde de capture et/ou une sonde de détection, lesdites sondes étant capables de s'hybrider avec deux régions différentes de l'acide nucléique cible, et l'une au moins desdites sondes

25
30

(généralement la sonde de détection étant capable de s'hybrider avec une région de la cible qui est spécifique de l'espèce, étant entendu que la sonde de capture et la sonde de détection doivent avoir des séquences nucléotidiques au moins partiellement différentes.

5 L'acide nucléique à détecter (cible) peut être de l'ADN ou de l'ARN (le premier obtenu après amplification par PCR). Dans le cas de la détection d'une cible de type acide nucléique double brin, il convient de procéder à la dénaturation de ce dernier avant la mise en œuvre du procédé de détection. L'acide nucléique cible peut être obtenu par extraction selon les méthodes
10 connues des acides nucléiques d'un échantillon à examiner. La dénaturation d'un acide nucléique double brin peut être effectuée par les méthodes connues de dénaturation chimique, physique ou enzymatique, et en particulier par chauffage à une température appropriée, supérieure à 80°C.

Pour mettre en œuvre les technique d'hybridation précitées, et en
15 particulier les techniques « sandwich », une sonde de l'invention, appelée sonde de capture est immobilisée sur un support solide, et une autre sonde de l'invention, appelée sonde de détection, est marquée avec un agent marqueur. Les exemples de support et d'agent marqueur sont tels que définis précédemment.

20 De manière avantageuse, une sonde d'espèce est immobilisée sur un support solide, et une autre sonde d'espèce est marquée par un agent marqueur.

Une autre application d'un oligonucléotide de l'invention est son utilisation comme amorce nucléotidique comprenant une oligonucléotide monocaténaire
25 choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence d'au moins 12 motifs nucléotidiques incluses dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 à 35, qui est utilisable dans la synthèse d'un acide nucléique en présence d'une polymérase par un procédé connu en soi, notamment dans des méthodes d'amplification utilisant une telle synthèse en présence d'une polymérase (PCR, RT-PCR, etc.).
30 En particulier, une amorce de l'invention peut être utilisée pour la transcription inverse spécifique d'une séquence d'ARN messager de bactérie d'une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés pour obtenir une séquence d'ADN complémentaire correspondante. Une telle transcription inverse

peut constituer le premier stade de la technique RT-PCR, le stade suivant étant l'amplification par PCR de l'ADN complémentaire obtenu. On peut également utiliser les amorces de l'invention pour l'amplification spécifique par réaction de polymérisation en chaîne de la séquence totale de l'ADN du gène *rpoB* d'une
 5 espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

Selon un cas particulier ladite amorce comprenant un oligonucléotide de l'invention comprend en outre la séquence sens ou anti-sens d'un promoteur reconnu par une ARN polymérase (promoteurs T7, T3, SP6 par exemple [Studier FW, BA Moffatt (1986) J. Mol. Biol. 189 :113] : de telles amorces sont
 10 utilisables dans des procédés d'amplification d'acide nucléique faisant intervenir une étape de transcription, tels que, par exemple, les techniques NASBA ou 3SR [Van Gemen B. et al. Abstract MA 1091, 7th International Conference on AIDS (1991) Florence, Italy].

Un autre objet de l'invention est une amorce nucléotidique comprenant un
 15 oligonucéotide choisi parmi les oligonucléotides ayant une séquence comprenant l'une des séquences SEQ ID n° 8 à 35 ou une séquence incluse dans SEQ.ID. n° 6 à 35 qui est utilisable pour le séquençage total ou partiel du gène *rpoB* d'une souche quelconque d'une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

20 Le séquençage du gène *rpoB* partiel ou complet chez toute bactérie du genre *Streptococcus* et genres apparentés permet l'identification de toute bactérie *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés par analyse bio informatique de cette séquence et la reconnaissance de nouvelles espèces de bactéries *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés inconnues.

25 De préférence, dans une utilisation comme amorce ou pour le séquençage des gènes *rpoB* on utilise les séquences SEQ ID n° 6 et SEQ ID n° 7, dans lesquelles N est l'inosine de préférence, les séquences SEQ ID n°6 et SEQ.ID. n° 7

30 Plus précisément, la présente invention fournit un procédé de détection par identification d'une bactérie de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés caractérisé en ce qu'on utilise :

- un gène *rpoB* complet ou quasi complet de ladite bactérie selon la présente invention, ou

- un dit fragment dudit gène *rpoB* de ladite bactérie selon la présente invention, comprenant une séquence nucléotidique choisie parmi l'une des séquences SEQ.ID.n° 8 à 35, les séquences inverses et les séquences complémentaires, ou

5 un dit oligonucléotide ou dit mélange d'oligonucléotides selon la présente invention comprenant une séquence constituée de motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans l'une des séquences SEQ.ID.n°6 et 7.

De préférence, dans ledit procédé de détection selon l'invention, on utilise :

- 10 - un dit fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie comprenant une séquence choisie parmi l'une des séquences SEQ ID n° 8 à 35, les séquences inverses et séquences complémentaires, ou

- au moins un dit mélange d'oligonucléotides selon la présente invention, dont les séquences consistent dans les séquences SEQ ID n° 6 et 7, et leurs
- 15 séquences inverses et séquences complémentaires dans lesquelles N représente l'inosine.

Dans un premier mode de réalisation d'un procédé de détection selon l'invention, on cherche à mettre en évidence la présence d'une bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés et, dans une première variante, on

20 réalise les étapes dans lesquelles :

1. on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit mélange d'oligonucléotides comprenant l'une des séquences SEQ.ID.n° 6 et 7, les séquences inverses ou les séquences complémentaires selon l'invention, avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des
- 25 acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, et
2. on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine la présence d'une dite bactérie du genre
- 30 *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

Dans une deuxième variante de réalisation d'un procédé de détection d'une bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, on réalise les étapes dans lesquelles :

1. On met en contact des amorces d'amplification comprenant desdits
 5 mélanges d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans
 lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, séquences inverses et
 séquences complémentaires selon l'invention, avec un échantillon
 contenant ou susceptibles de contenir des acides nucléiques d'au
 moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres
 10 apparentés avec :
 - comme amorce 5' : un dit mélange d'oligonucléotides comprenant
 une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID.n° 6, ou de
 préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID n° 6
 complète, ou une séquence complémentaire selon l'invention ;
 - 15 - comme amorce 3' : un dit mélange d'oligonucléotides comprenant
 une séquence incluse dans la séquence la séquence SEQ.ID.n°
 7 ou de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID n° 7
 complète, ou respectivement une séquence complémentaire
 selon l'invention.
- 20 2. On réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de
 polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence
 d'un produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite
 bactérie dans l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

Dans un deuxième mode de réalisation du procédé de détection d'une
 25 bactérie selon l'invention, on cherche à détecter spécifiquement une espèce
 donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* choisie parmi les espèces
Streptococcus mutans, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
Streptococcus pyogenes, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
 30 *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficilis*,
Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
Granulicatella adjacens, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*,

Enterococcus casseliflavus, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*.

Comme cela a été précédemment exposé en introduction, les genres
 5 *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Granulicatella*, *Abiotrophia*, et *Gemella*
 comportent plus d'espèces bactériennes que celles qui ont été effectivement
 séquencées dans ce travail. Toutefois, les espèces séquencées ont été choisies
 telles qu'elles encadrent toutes les espèces connues dans ces genres bactériens
 et sont en nombre suffisant pour démontrer l'application de la séquence *rpoB* à
 10 l'identification des espèces de ces genres.

Dans une première variante de ce deuxième mode de réalisation du
 procédé selon l'invention, on réalise les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir
 des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde
 15 d'espèce consistant dans un dit gène, dit fragment de gène ou dit oligonucléotide
 comprenant une séquence incluse dans l'une des séquences SEQ.ID n° 8 à 35,
 de préférence un oligonucléotide consistant dans l'une desdites séquences
 SEQ.ID. n° 8 à 35, les séquences inverses et séquences complémentaires selon
 l'invention, et

20 2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation
 entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi
 la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe
 d'hybridation.

Dans une seconde variante de ce dit deuxième mode de réalisation du
 25 procédé selon l'invention dans lequel on cherche à détecter spécifiquement une
 espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres
 apparentés choisie parmi les 28 espèces citées ci-dessus, le procédé comprend
 les étapes dans lesquelles, dans un échantillon contenant ou susceptible de
 contenir des acides nucléiques d'au moins une dite bactérie :

30 a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB*
 amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amorces nucléotidiques
 consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides comprenant des
 séquences incluses dans la séquence SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5',

et SEQ.ID. n° 7 comme amorce 3', de préférence les séquences consistant dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et leurs séquences complémentaires, et

- 5 b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie comprenant lesdites séquences n° 8 à 35 et séquences complémentaires selon l'invention, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si
- 10 la séquence du fragment obtenue est identique à la séquence connue du gène ou du fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

La présente invention a également pour objet une trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'invention comprenant au moins un dit oligonucléotide consistant dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 ou un dit

15 oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et/ou au moins un dit fragment de gène *rpoB* d'une dite bactérie comprenant les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, et les séquences complémentaires selon l'invention.

Un oligonucléotide selon l'invention peut aussi être utilisé à titre de sonde

20 de thérapie génique pour traiter les infections provoquées par une souche appartenant à une espèce du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés, ladite sonde comprenant un oligonucléotide tel que défini précédemment. Cette sonde de thérapie génique, capable de s'hybrider sur l'ARN messager et/ou sur l'ADN génomique desdites bactéries, peut bloquer les

25 phénomènes de traduction et/ou transcription et/ou de réplication.

Le principe des méthodes de thérapie génique est connu et repose notamment sur l'utilisation d'une sonde correspondant à un brin anti-sens : la formation d'un hybride entre la sonde et le brin sens est capable de perturber au moins l'une des étapes du décryptage de l'information génétique. Les sondes de

30 thérapie génique sont donc utilisables comme médicaments antibactériens, permettant de lutter contre les infections causées par les bactéries des espèces du genre *Streptococcus* et desdits 4 genres apparentés.

L'invention sera mieux comprise à l'aide de l'exposé ci-après, divisé en exemples, qui concernent des expériences effectuées dans le but de réaliser l'invention et qui sont données à titre purement illustratif.

La figure 1 représente la visualisation des produits d'amplification par coloration au bromure d'éthidium après électrophorèse sur un gel d'agarose obtenu à l'exemple 3.

Exemple 1. Séquence du gène *rpoB* de trois espèces du genre *Streptococcus* et genre apparenté : *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus*.

La séquence complète du gène *rpoB* des bactéries des espèces *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus anginosus* et *Streptococcus equinus* a été déterminée par amplification enzymatique et séquençage automatique disponible chez les Streptocoques. Le choix de ces espèces a été basé sur l'analyse de l'arbre 16S qui montre une divergence génétique couvrant l'ensemble de l'arbre phylogénétique des streptocoques.

Stratégie et Séquençage :

Plusieurs séquences partielles de 510 pb de gènes *rpo-B* sont disponibles sur GenBank pour les 10 espèces de streptocoques suivantes : *Streptococcus intermedius*, *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus parasanguinis*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus cristatus*, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus anginosus* et *Granulicatella adjacens*. [Majewski, J., Zawadzki, P., Pickerill, P., Cohan, F.M. and Dowson, C.G. Barriers to genetic exchange between bacterial species: *Streptococcus pneumoniae* transformation. J. Bacteriol. 182, 1016-1023 (2000)], mais les amorces utilisées par ces auteurs n'amplifient qu'une fraction des espèces du genre *Streptococcus* et il n'a donc pas été possible de mener à bien notre travail sur la base de ces seules données. Il a donc fallu déterminer des amorces capables d'amplifier l'ensemble des souches de streptocoques, enterocoques, *Abiotrophia*, *Gemella*, et *Granulicatella*. Ces amorces devaient en outre encadrer une région présentant une diversité génétique suffisante pour permettre de distinguer deux espèces entre elles. Cependant, l'alignement de ces séquences partielles publiées a permis de déterminer les amorces

communes suivantes : (la numération se réfère à la séquence complète du *Streptococcus. pyogenes*)

SEQ ID N° 36 : 5'- AGACGGACCTTCTATGGAAAA -3' (amorce 748F) ,

SEQ ID N° 37 : 5'- GGACACATACGACCATAGTG -3' (amorce 116R), et

5 SIQ N° 38 : 5'- GTTGTAACCTTCCCAWGTGTCAT -3' (amorce 830R).

Ces amorces ont permis de séquencer la partie centrale du gène *rpoB* de 714pb pour les cinq espèces choisies (*Streptococcus equinus*, *Streptococcus mutans*, *Streptococcus anginosus*, *Enterococcus faecalis*, et *Abiotrophia defectiva*). A partir de ce fragment central, le séquençage a été poursuivi par la
10 technique dite du génome Walker.

En dehors de cette zone publiée [Majewski, J., et al. J. Bacteriol. 2002, 182, 1016-1023], l'alignement des deux séquences complètes disponibles dans GenBank (*Streptococcus pneumoniae* [GenBank numéro d'accès AE008542] et *Streptococcus pyogenes* [GenBank numéro d'accès AE006480]) ont permis de
15 choisir les amorces suivantes :

- SEQ ID N° 39 : 5'- GTCTTCWTGGGYGATTTCCC -3' (amorce 2215R),
- SEQ ID N° 40 : 5'- ACCGTGGIGCWTGGTTRGAAT -3' (amorce 2057R),
- SEQ ID N° 41 : 5'- AACCAATTCCGYATYGGTYT -3' (amorce 1252R),
- SEQ ID N° 42 : 5'- AGIGGGTTTAACATGATGTC -3' (amorce 371F),
- 20 - SEQ ID N° 43 : 5'- AGIGCCCAAACCTCCATCTC -3' (amorce 730F), et
- SEQ ID N° 44 : 5'- CTCCAAGTGAACAGATGTGTA -3' (amorce 585R).

Ces amorces ont permis d'étendre la région séquencée pour certaines des cinq souches choisies. De façon tout à fait inattendue, *E. faecalis* n'est pas amplifiée par ces amorces ; mais on a observé que la zone partielle séquencée présentait
25 une homologie avec le gène *rpoB* de *Listeria monocytogenes*, c'est à dire avec une bactérie appartenant à un genre bactérien différent ce qui ne pouvait absolument pas être déduit des données existantes, on a donc choisi des amorces dans le gène *rpoB* de *Listeria* pour amplifier le gène *rpoB* de *Enterococcus faecalis*.

- 30 - SEQ ID N° 45 : 5'- TTACCAAACCTTAATTGAGATTCAAAC -3' (amorce 180F)
- SEQ ID N° 46 : 5'- AGTATTTATGGGTGATTTCCCA -3' (amorce 410F)
- SEQ ID N° 47 : 5'- GGACGTTATAAAATCAACAAAAAATT -3' (amorce 910F)
- SEQ ID N° 48 : 5'- AGTTATAACCATCCCAAGTCATG -3' (amorce 2430R)

- SEQ ID N°49 : 5'- TGAAGTTTATCATCAACCATGTG- 3' (amorce 3280R)
- SEQ ID N°50 : 5'- CCCAAAACGTTGTCCACC- 3' (amorce 3360R)

Les séquences partielles ainsi obtenues pour les cinq souches choisies (*Streptococcus equinus*, *Streptococcus mutans*, *Streptococcus anginosus*,
 5 *Enterococcus faecalis*, *Abiotrophia defectiva*) ont permis de choisir les amorces suivantes :

- SEQ ID N°51 : 5'- AACCAAGCYCGGTTAGGRAT -3' (amorce 520R)
 - SEQ ID N°52 : 5'- ATGTTGAACCCACTIGGGGTGCCAT -3' (amorce 2881F)
- pour le séquençage des zones C- et N- terminales par Génome Walker.

10 Le séquençage est alors complet, comme en témoignent la détermination de la région codante, et l'alignement des protéines traduites des séquences nucléotidiques avec les deux protéines RpoB publiées de *Streptococcus pneumoniae* et *Streptococcus pyogenes*.

Plusieurs amorces consensus potentielles ont fait l'objet d'investigations
 15 pour obtenir un fragment susceptible de conduire à la séquence complète des gènes *rpoB* par élongations successives à partir d'une série d'amorces spécifiques.

Dans chacune des étapes ci-dessus, un grand nombre de tentatives avec des amorces théoriquement ou potentiellement appropriées ont échoué avant de
 20 déterminer les amorces mentionnées ci-dessus pour permettre d'amplifier et de séquencer par étapes successives la totalité des gènes *rpoB* décrite ci-après.

Les réactions de séquençage ont été réalisées en utilisant les réactifs du kit ABI Prism dRhodamine Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin Elmer Applied Biosystems) selon les recommandations du fournisseur
 25 suivant le programme suivant : 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec., une étape d'hybridation de l'amorce à 50°C pendant 10 sec. et une étape d'extension à 60°C pendant 2 minutes. Les produits de séquençage ont été séparés par électrophorèse sur un gel de polyacrylamide sur un séquenceur 377 DNA Sequencer (Perkin) et analysés pour former des
 30 séquences consensus par le logiciel Sequence Assembler (Applied Biosystems).

Cette approche nous a permis de déterminer la séquence complète du gène *rpoB* chez deux espèces du genre *Streptococcus* et chez *Abiotrophia defectiva* :

SEQ.ID. n°1 : Séquence du gène *rpoB* de *Streptococcus anginosus*. Cette séquence mesure 4.495 paires de bases , possède un contenu en cytosine plus guanosine de 41 % et est déposée dans GenBank sous le numéro d'accension AF 535183 :

```

5  5'-TCATACTTTTAGAGTCAGATTTAGCTGCTCTTTTTGTGCCTGTTTTGGGATTTTTGTGCTTTGT
CATCAAATTAAGATTCTGAAAATTACTCAAAAAGGATAAATGAAAATTGCTACTCTATTCCA
TTAATAGAGAATGTAGAAAGAAGAAGGAGTAAAAAAGTTGGCAGGACATGAAGTTCAATACGGG
AAACACCGTACTCGTCGTAGTTTTTCAAGAATCAAGGAAGTCTTGATTTACCAAATTTGATTG
AAATCCAGAGGATTCGTTCAAAGATTTTCTTGACCATGGTTTTGAAAGAAGTATTTGAAGATGTA
10  CTTCCTATCTCAAACTTTACAGATACAATGGAGCTAGAGTTTGTGGTTATGAAATTAAGGAT
CTAAATACACTTTAGAAGAAGCACGTATCCATGATGCCAGCTATTCTGCACCTATTTTTGTGAC
TTTCCGTTTGATTAAATAAAGAACTGGTGAAATCAAAACCCAAGAAGTGTCTTTGGCGATTTC
CCAATCATGACAGAAATGGGAACTTTCATTATCAATGGTGGTGAGCGGATTATCGTATCTCAGC
TCGTTCTGTTCTCCAGGTGTTTACTTCAACGATAAAGTAGACAAAAATGGTAAAGTTGGTTATGG
15  TTCAACTGTCAATTCCTAACCGTGGAGCTTGGTTAGAGCTGGAAACAGACTCAAAGATATTGCT
TATACTCGGATTGACCGTACTCGTAAGATTCGGTTTACGACACTGTTCTGTCGCTTGGTTTTT
CTGGCGATGATGAAATCTTTGACATTTTCGGCGACAGCGATCTCGTTCCGCAACACGATTGAAA
GGATATTCTATAAAATCCAATGGATTACGTACGGATGAAGCGCTTAAAGAAATCTATGAACGT
CTTCGTCCAGGTGAGCCTAAACAGCTGATAGTTCACGTAGTCTATTGGTCGCTCGTTTCTTTG
20  ATCCACATCGTTACGACTTGGCGGCAGTTGGTCGTTATAAAATCAATAAAAAATTAACATTAA
AACACGTTTGTTAAATCAAACGATTGCAGAGCCTTTGGTAGATCCAGAAACAGGTGAAATCTTG
GTTGAAGCTGGAACGGTTATGACGCGTAGTGTCAATTGATAGCATTGCAGAATACCTGGACGGTG
ATTTGAATAAAATCACTTATATTCCAAATGATGCAGCTGTGTTAACAGAGCCAGTTGTTCTTCA
AAAATTCAAAGTGGTGGCGCCAACCTGATCCAGATCGTGTGGTGAATATTATGGTAATGCCAAC
25  CCAGGAGATCGAGTTCATACGATTACGCCAGCAGATATTTGGCTGAGATGAATTACTTCTTGA
ACCTCGCTGAAGGACTTGGTCGTGTGGACGATATTGACCACCTTGGGAAATCGTCGGATTCTGTG
CGTTGGTGAATTGCTTGCTAACCAAGTACGTCTTGGCTTGTCTCGTATGGAGCGAAACGTTCCG
GAGCGCATGAGTGTGCAAGATAATGAAGTGTGACACCGCAACAAATCATTAACATCCGCCCAG
TCACAGCAGCTATCAAAGAATTCTTTGGTTCACTCAATGTCTCAATTTATGGACCAACATAA
30  TCCACTGTCTGAATTGTCTCACAAACGCCGTTTGTACAGCCTTGGGACCTGGTGGTTTGCATCGT
GATCGTGCTGGATATGAAGTGCCTGACGTGCACTATAACCCACTATGGTCGTATGTGTCCGATTG
AAACGCCCTGAAGGACCAAAACATCGTTTTGATCAATAACTTGTCTTCTTATGGACACTTGAATAA
ATATGGCTTTATCCAAACGCCGTATCGTAAAGTGGATCGTGAAACAGGTCTGGTCACCAATGAA
ATCGTTTGGCTGACAGCGGACGAAGAAGATGAATTTATCGTAGCGCAAGCAAATCTAAATTAA
35  CAGAAGATGGTCGTTTTGCAGAAGCGATTGTCAATGGGACGTCACCAAGGGAACAACCAAGAATT
TCCTTCAGATCAAGTAGACTTCATGGATGTATCGCCTAAGCAGGTAGTTGCGGTTGCGACAGCA
TGATATTCCATTTCTTGAAGAACGACGACTCAAACCGTGCTCTCATGGGTGCCAATGCAACGTC
AGGCGGTACCGTTGATTGATCCGCATGCACCATATGTTGGTACTGGTATGGAATACCAAGCAGC
TCATGACTCTGGTGCAGCGATTATTGCCCAACACGACGGTAAAGTTGTATATTCTGATGCAGCC
40  AAAGTTGAAGTTCTGTCGTGAAGATGGCTCACTTGATGTCTATCATATTACGAAATTCGCCCGTT
CAAACCTCTGGTACTTCTTACAACCAACGTACGCTGGTAAAAGTTGGCGATACAGTTGAAAAGG
TGACTTTATCGCAGACGGACCTTCTATGGAAGGAGTGAATGGCACTTGGACAAAATCCAATC
GTTGCTTATATGACATGGGAAGGTTACAACCTTTGAAGATGCCGTTATCATGAGTGAGCGTTTAG
TGAAAGACGATGTTTACACATCTGTTCACTTGGAGGAATTTGAATCAGAAACACGTGATACAAA
45  GCTTGGACCTGAAGAAATCACGCGCGAAATTCCAAACGTCGGTGAAGATGCTTTGAGAGACCTT
GACGAAACGGGAATTATCCGCAATGGTGCTGAGGTAAAAGAAGGCGACATTCTGTGCGTAAAG
TAACACCGAAAGGTGAAAAAGACTTATCTGCTGAAGAAGCCTGCTTCATGCAATTTTCGGTGA
TAAATCTCGTGAAGTACGTGATACTTCCCTTCGTGTACCACATGGTGGTGCAGGGGTTGTCCGT
GATGTGAAAATCTTTACTCGTGCAGACGGTGAATGCAATCTGGTGTCAACATGTTGGTAC
50  GTGTTTACATCGCTCAAAAACGGAAAATCCGTGTTGGGGATAAGATGGCTGGACGTCACGGAAA
CAAAGGGGTTGTTTCCCGCATTTGTTCCAGTTGAGGATATGCCGTATCTTCCAGATGGAACACCA
GTTGATATTATGTTGAACCACTTGGGGTGCCATCTCGTATGAATATTGGTCAAGTTATGGAGC
TTCACCTCGGTATGGCTGCTCGCAACCTTGGCATTCACATTGCAACACCAGTATTTGACGGGGC
TAGCTCAGATGATCTTTGGGAAACCGTTCTGTGAAGCTGGCATGGATAGCGATGCTAAGACAATC
55  CTTTATGATGGCCGTACTGGTGAGCCATTTGATAATCGTGTATCCGTTGGTGTCTATGATGA
TCAAACCTCCACCATATGGTTGATGATAAGCTCCATGCCCGTTCCGTTGGTCCTTATTCAACCGT
TACGCAACAACCTCTTGGTGGTAAAGCGCAGTTTGGTGGACAACGTTTTGGAGAAATGGAAGTT

```


TGGGCTCTTGAAGCCTACGGTGCTTCTAACGTCCTTCAAGAAATCTTGACTTACAAGTCAGATG
 ACATCAATGGTTCGTTTGAGAGCTTATGAAGCCATTACCAAAGGTAAGCCAATTCCAAAACCAGG
 TGTTCCAGAATCCTTCCGTGTCTTGTAAAAAGAAATTGCAATCACTTGGTCTTGACATGCGTGTG
 CTTGATGAAGACGACAATGAAGTCGAACCTCGTGACTTGGACGAAGGCATGGATGATGATGTGA
 5 TTCATGTAGACGATCTTGAAAAAGCACGTGAAAAAGCAGCACAGAAGCAAAAGCCGCTTTTGA
 TGCTGAAGGGAAAGAATAAGAACTGATTCAATAGATAATAAAGAAAGGTAAGAAATAGTGGTTG
 ATGTAAATCGTTTTTCAAAGTATGCAAATCACCCCTAGCTTCTCCTAGTAAAGTCCGCTCTTGGTC
 TTATGGAGAAGTGAAGAAACCTGAAACAATTAACCTACCGCACACTAAACCAGAACGCGAAGGG
 CTTTTTGATGAAGTCATCTTTGGTCTACGAAAGACTGGGAATGTGCGTGTGGAAATATAAAC
 10 GGATTCGTTATAAAGGAATCATTGTGACCGTGTGGTGTGAAGTAACTCGTACTAAAGTTTCG
 TCGTGAACGTATGGGACATATTGAGTTGAAAGCCCCAGTCTCCTCATATTTGGTATTTTAAAGG
 AATCCAANTCGCATGGGCTTGACCTTGGACATGAGCCCTCGTGCTCTTGAAGAAGTCATNTAN
 TTTGCAGCTTATGTGGTGANTGACCCTAAAGATACNCCACTTGAGCACAAATCCATTATGACAG
 AGCGGGATGGTTNGTGAACGCTGACNTGAATATGGCCAAGGCTCTTTTGGTGGCAAAAATGGGTG
 15 YTGAAAGCAATCCAAGATCTNNTGAAACANGTAGACCTGGAAAAAGAAATGCAGAGCTCAAAGA
 TGAATTAACCAAGGCAAGTGGGCAAAAGCGCGTAAAMGCTAANTTCGTCGNTNNGACTCTTTTC
 GATNCTTTCCAAAATCATGGTACACAAAACCAGAACTGGATGGTCTTAAACCATCNTNTCACC
 GCTCATTCAGACAC -3'

- 20 SEQ ID N°2: Séquence du gène *rpoB* de *Streptococcus equinus*. Cette séquence mesure 4.116 paires de bases et possède un contenu en cytosine plus guanosine de 41 % est déposée dans GenBank sous le numéro GenBank accession AF 535187:

5' -CACGCGTGGTCGACGGCCCCGGGCTGGTGAATTGTCATAAGTTGTGTAGTAGTAAATTCCCTTAT
 25 CAGTGTGATGCATGAGCTATAAATAGTGTACTCATATTTGCCACTTTCATCGACATAGCAAAG
 TCCTTTTTTGTGTTCAACGGATTTTAAAATGTGGAAGAATTGATTAACTGCTTTCTTCTGTT
 TCTTCAGCCACAGAATTTAATTTTGTAAAAGTAACTTTTACATAACGTGACATGATGATAAAT
 CACCAGGCAAGCCAAGTCCACCCATGCCACGGCTATAAGTTTCAAGTTCTAACTCTTTAGCAAA
 ACGATTTTCTGAAACCTTTGGAGATAGATGACGATAGTTATTCAAATTTGAATAATTTGTTATCA
 30 AAAGTTGGATTATTAGTCAAAACACCTGTTGAGTTATTTCGTAAACTTATAGGGCACGCGTGGTC
 GACGGCCCCGGGCTGGTAAAGACTTCTTGGATAACGGATTAAMAGAAGTTTTTGAAGATGTACTT
 CCGATTACAAACTTTACGGATACTATGGAGCTTGAATTTGTTGGTTACGAATTGAAAGAGCCTA
 AGTATACGCTTGAAGAAGCTCGTATCCACGATGCATCTTATTCAGCACCTATTTTTGTAACTTT
 35 CCGTTTGATTAATAAAGAAACAGGAGAAATCAAAACTCAAGAAGTTTCTTCCGTGATTTCCCA
 ATTATGACTGAAATGGGTACATTCATCATCAACGGTGGTGAACGTATTATCGTTTCTCAGTTGG
 TTCGTTCTCCTGGTGTATTATTCAACGATAAAGTTGATAAAAACGGTAAAGTTGGTTACGGTTC
 AACTGTAATCCCTAACCGTGGAGCATGGCTTGAATTAGAAACAGATTCAAAAGATATTGCTTAC
 ACACGTATCGACCGTACACGTAAATTTCCATTTACAACCTCTTGACGTGCGCTTGGTTTCTCAG
 GTGATGATGAAATCATGGATATCTTTGGTGATAGCGAACCTGTTTCGTAACACAATCGAAAAAGA
 40 TATTCACAAAAACCCAGCAGACTCACGTACTGACGAAGCTCTTAAAGAAATTTACGAACGCCCTT
 CGTCCAGGTGAACCAAAAACAGCTGATAGCTCACGTAGCTTGCTTGTAGCTCGTTTTCTTTGACC
 CACGTCGTTATGACTTGGCAGCTGTTGGTCTTACAAAATCAACAAAAAATTAACATCAAGAC
 TCGTCTTTTGAACCAACAATCGCTGAAAAACTTGGTTGATGCTGAAACTGGTGAAATCCTTGTT
 GAAGCTGGTACAGTAATGACACGTGACGTGATTGATTCAATCGCTGATCAATTGGATGGTGACC
 45 TTAACAAATTTGTTTACACACCAATGATTACGCTGTTGTCACTGAACCTGTTGTTCTTCAAAA
 ATTCAAAGTTGTTGCACCAACGATCCAGACCGCGTTGTTACAATCGTTGGTAACGCAATCCT
 GATGACAAAGCGCGTGCCTTACACCAGCTGATATCTTGGCAGAAATGTCTTACTTCTTAACC
 TTGCTGAAGGTCTAGGTAAAGTTGATGATATCGACCACCTTGGGAATCGTCGTATTTCGTGCCGT
 50 TGGTGAATTGCTTGTAAACCAATTCGTTATTGGTCTTGTCTGATGGAACGTAACGTTCCGGGAA
 CGTATGTGAGTTCAAGACAACGAAGTTGACACCAACAATAATCATCAACATTCGTCCTGTTA
 CTGCAGCCGTTAAAGAATTCTTCGGTTCACTCAATTTGTCAAGTTTCATGGACCAACACAACCC
 ACTTTCTGAGTTGTCTCACAACGTCGTTTGTGACGCTTAGGACCTGGTGGTTGACTCGTGAC
 CGTGCTGGTTATGAAGTTTCGTGACGTGCACTACACTCACTATGGTCGTATGTGTCCGATTGAAA
 CTCCTGAAGGACCTAACATCGTTTGTATCAATAACTTGTCAACATACGGACACCTTAATAAATA
 55 TGGTTTTCATCCAAACACCATATCGTAAAGTTGACCGCGCTACAGGTGTGATTACAAACGAAATC
 GTTTGGTTGACTGCCGATGAAGAAGATGAATACACAGTAGCACAGGCTAACTCAAACTTAACG

AAGATGGAACATTTGCTGAAGACATCGTTATGGGACGTCACCAAGGTAATAACCAAGAGTTCCC
 AGCAAGCGTTGTTGACTTCGTAGACGTTTACCTAAACAAGTAGTTGCCGTTGCGACAGCATGT
 ATTCCTTTCTTTGAAAAACGATGACTCTAACCGTGCCCTTATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAG
 CGGTGCCATTGATTGATCCACACGCACCATATGTTGGTACTGGTATGGAATATCAAGCAGCCCA
 5 CGACTCAGGTGCTGCAGTTATCGCTAAACACGATGGACGCGTTATCTTCTCTGATGCTGAAAAA
 GTTGAAGTTTCGTCGCGAAGATGGTTCACTTGATGTTTACCACATTACTAAATTCGTCGTTCTA
 ACTCAGGTACAGCTTATAACCAACATACACTTGTTAAAGTTGGCGATATCGTTGAAAAAGGTGA
 CTTTCATCGCTGATGGTCCCTTCAATGGAAAAAGGTGAAATGGCCCTTGGTCAAAACCCAATCGTC
 GCTTACATGACTTGGGATGGTTATAACTATGAAGATGCCATCATCTTGAGTGAACGTCTTGTTA
 10 AAGAAGATGTTTATACATCAGTTCACCTTGGAAGAAATTTGAATCAGAAACACGTGATACTAAGTT STRF
 AGGCCCTGAAGAAATCACTCGCGAAATTCCAAACGTTGGTGAAGAAGCTCTTAAAGACCTTGAC
 GAAATGGGTATTATCCGTATCGGTGCTGAAGTTAAAGAAGGTGACATCCCTTGTAAGGTAAAGTAA
 CACCTAAAGGTGAAAAAGACCTTTCTGCTGAAGAGCGCCTTCTTCACGCAATCTTCGGTGATAA
 ATCAGGTGAAGTTCGTGATACATCACTTCGTGTACCACACGGTGGAGATGGTGTCTGTTCTGTGAC
 15 GTTAAATCTTTACACGTGCAACGGTGATGAATTACAATCAGGTGTTAATATGCTCGTTCGTG
 TTTATATCGCACAAAAACGTAAATCAAAGTCGGAGATAAAATGGCCGGTTCGTCACGGTAACAA
 AGGGGTTGTTTCTCGTGTGTTTCCAGTTGAAGACATGCCTTATCTTCCAGACGGAAGTCCAGTC
 GATATCATGTTGAACCCACTTGGGGTGCCATCTCGTATGAACATCGGACAAGTTATGGAGCTTC
 ACCTTGGTATGGCTGCTCGTAACCTTGGTATTACATTGCAACACAGTCTTTGATGGGGCAAC
 20 TTCTGAAGACCTTTGGGATACAGTTAACAAGCTGGTATGGCTAGCGACGCTAAGACAGTCTCTT
 TACGATGGACGATCTGGTGAACCATTTGATAACCGTGTGTGTCAGTTGGTGTCTGATGATGATTA
 AACTTCACCACATGGTTGATGATAAACTTCACGCACGTTTCACTTGGTCTTACTCACTTGTTAC STRR
 GCAACAACCTCTTGGTGGTAAAGCACAATTTGGTGGACAACGTTTCGGTGAATGGAAGTTTGG
 GCTTTGGAAGCTTACGGTGCATCAAATGTTCTTCAAGAAATCTTGACTTACAAATCAGATGATG
 25 TCAACGGTTCGCTTAAAGCTTATGAAGCCATCACTAAAGGTAAACCAATTCCAAAACAGGTGT
 TCCAGAATCATTCCGAGTTCTTGTAAAAGAATTGCAATCACTTGGTCTTGACATGCGCGTGTCTT
 GATGAAGATGACAATGAAGTAGAAGTTCGTGATCTTGATGAAGGTGAAGATGACGATGTTATGC
 ACGTTGATGATCTTGA AAAAGCTCGTCAAAAACAAGAAGCAGAAGAAGCGGAAAAAGCAGAAGT
 TTCTGCAGAGAAGAAACAATAATAGGAAAGAACATTAGACATGAGAGAGGCAAGACCTGCTTCT
 30 TCTTGGTCAGATTGTTTGTGATGCTCTATAACGATAAATGATGTCTTACGAATCATGAATTTG
 TAAGTCATGACAGTTAGAAAGTAGCGCAGCTATTTCAAAGTCATAAGAAGGTATCATGGTGACG
 TAATCGTTACAGCCGGCGTC -3'

SEQ ID N°3 : Séquence du gène *rpoB* d'*Abiotrophia defectiva*. Cette séquence

35 mesure 3392 paires de bases, possède un contenu en cytosine plus guanosine
 de 47 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF 535173 :

5' -ATATAGGGCACGCGTGGTTCGACGGCCCGGGCTGGTCCATAAACAACATGTAACGTCACTCCGATG
 AGTTGGTTCTGTTGTCTTTTTCGCGCTTCAAAGACCGAAAAATGTCATTTGTCAACAATTAT
 TAATAATTGTAACCTTAATGTAAAGTGGTGTCTTAGATTATATTATAGGGGTGAATCGCTTGA
 40 GTCATATCGTGAAATACGGTAAAAAGCTGAGCGTCGAAGCTATGCGCGTATCGACGAAGTCTT
 AGAGTTGCCGAACCTTGATTGAAATCCAAACGGATTCCATACAAATGGTCTTGGATGAAGGGCTA
 AAAGTGATGTTTCGAGGACATTTCCGCCGATTGTTCGACCATTCGGGAGAACTTGGAACTTCATTTTG
 TAGACTATGAGTTCAAGGAAGCTAAGTATAGCTTAGAAGAAGCTCGTAGCCATGACGCTAACTA
 CTCAAAACCAATCTATGTAACCTTGCGCCTGTTCAACAAAGAGACAGGTGAAGTCAAAGAACAA
 45 GAAGTCTTCTTCGGGGACTTCCCAATCATGACCGAAATGGGGACCTTCATTATCAACGGGGCGG
 AACGGGTTATCGTTTCCAGTTGGTACGTTCTCCAGGTGTCTACTTCCACGACCGTATGGACAA
 GAAAGGCCGCCACAGCTATACTTCTACGGTTATTCTTAACCGTGGGGCTTGGTTGGAATTTGAA
 TCAGATGCTAAGGGGATTGCCTACGTCCGCATTGACCGGACCGGAAGATTCCATTGACTGTCT
 TGATGCGTGCTTAGGTTTGGTTTCAGATGACGAGATTTATGATATCTTCGGCCAATCTGAGCT
 50 CTTAGACTTAATATCGAGAAGGATGTTCAAAAAACATTCAAGACTCTCGTACGGAAGAAGCC
 TTGAAGGACATTTACGAGCGTCTCCGTCCAGGTGAACCTAAGACCGCAGAAAGCTCACGTAACC
 TCTTGGTTGCGCGCTTCTTCGACCCACGTCGCTATGACTTAGCACCTGTAGGTCTGTTATAAGAT
 CAATAAAAAGCTCCACCTCAAGAACCGTTTGGTTGGCTTGACTTTGGCTGAAACCTTGGTTAAC
 CCAGAAAACAGGCGAAGTGCTCTTTGAAGAAGGAACGCTCTTGGATCAAGAACGTGTTCAAGCCC
 55 TGATTCCATACCTTAGAGGCTGGCTTGAATAAGGTAACCTCTATCTTCTGAAGATAGTGTGGT
 AGCTCAACCAATTGATTTACAAATCATCAAAGTTTATTCACCTAAGAACGCCGAGCAAGTGATT
 AACATCATCGGTAACGGGAACATTGAGAAGATTAAAGTGCTTGACGCCAGCTGACATTATTGCGT

CAATGAACTACTATCTCTATTTAGACCAAGGAATTGGTGTGACAGATGATATCGACCACTTGGC
 TAACCGTCGTATTCGTTTCAGTCGGTGAATTATTGCAAAACCAATTCCGTATCGGGCTATCCCGG
 ATGGAACGGGTAGTGCCTGAACGTATGTCGCTCCAAGATGTTGCGACCATCACACCGCAACAAT
 5 TGATTAACATTCGTCCAGTAGTGGCGGCTATTAAGGAATTCTTCGGTTCATCCAGTTGTACA
 ATTCATGGACCAAGTTAACCCTCGGGGAATTGACCCACAAACGTCGTCTGTAGCCCTTAGGG
 CCTGGTGGTTTGACGCGGGACCGTGCCGGCTATGAAGTGCAGGACGTTCACTACTCTACTACG
 GCCGTATGTGTCCAATCGAGACGCCAGAAGGTCCTAACATCGGGTTGATTAACAGCTTGTCTTC
 TTATGCCAAGATTAACAAGTATGGTTTTATTGAGACGCCCTTACCGTAAAGTGGACAAATCGGTT
 10 ACGCCACACCGTGTACGACCGAAATTGACTACCTAGCAGCGGACGAGGAAGACTTGTACGTAG
 TAGCCCAAGCCAACCTAACTCAACGAAGACGGGACCTTCGCCAATGACCTAGTTATGGCGCG
 TTTCCGTTCAAAAACATTGAGGTTAACGTTGACCAAGTAGACTACATGGACGTATCGCCAAAA
 CAGGTTGTGCTGTGCGGACTGCTAGCATTCGGTTCTTGGAAAACGACGACTCCAACCGGGGCT
 TGATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAGCTGTGCCACTTATTAATCCACAATCCCCACTGATTGG
 15 GACTGGGATGGAATATAAGGCAGCACACGACTCTGGGGCTGCGCTCTTATGTAAGCGCGCCGGT
 GAAGTGGTTTTATGTGATGCTAACAAGGTGCGCGTGCAGACTCCAGAAGGTGAAGTTGACGAAT
 ACCGTTTAAACCAAGTTTGACGTTCTAACGCTGGGACCTGTTACAACCAACGTCCAATCGTAGA
 ATTAGGCGACCAAGTTGATGCCCTTGGAAATCTTAGCAGATGGTCCATCTATGCAAAATGGGGAG
 ATGGCCCTCGGTCAAAACCCACTGGTAGCCTTCATGACTTGGGAAGGGTATAACTATGAGGACG
 CGGTTATCATGTCTGAACGCTCTGGTCAAAGACGATGTTTATACCTCTATCCACATTGAAGAATA
 20 TGAATCAGAGTCCCGTGAYACYAAGTTAGGCCCTGAAGAAATTACACGCGAAATTCCAAACGTG STRF
 TCCGAAGATGCCCTCAAGTACTTAGACAAAAGACGGGATTATCTGTATCGGGGCGGAAGTAAAG
 ACGGCGATATCTTAGTTGGTAAGGTAACACCAAAAGGTGTGACCGAGTTGTCTGCGGAAGAACG
 CTGCTCCATGCTATCTTCGGTGAGAAGGCGCGTGAAGTACGTGATACTTCTTGCCTGTGCCA
 CACGGCGGGGGCGGGATTGTCCACGACGTTAAATCTTTACCCGCGAAGCTGGCGACGAATTGG
 25 CACCAGGTGTCAACAAGCTAGTCCGCGTCTACATCGTACAAAACGTAATCAATGAAGGGGA
 TAAGATGGCCGGTCTGTCACGGTAACAAAGGGGTTGTCTCCCTTATCATGCCGGAAGAAGATATG
 CCATCTTACCAGATGGTACCCAGTTGATATCATGTTGAACCCATTAGGGGTTCCATCCCGTA
 TGAACATCGGGCAAGTCCTAGAGTTACACTTGGGGATGGCTGCTCGCGAAATGGGCATCAAGAT
 TGCAACACCTGTCTTTGACGGTGCTAGTGAAGAAGATGTCTGGGAAACAGTTAAGGAAGCCGGC
 30 TTAGAAGCTGACGCTAAGACTATCTTATATGATGGTTCGAACCGGTGAACCATTTGACCGTAAAG
 TCTCTGTGGGGTTATGTACATGATTAAGTTGGCCACATGGTTCGATGACAAGTTGCACGCCCG STRR
 TTCAACAGGTCCATACCTCTCTGGTTACCCAACAACCATTTGGGTGGTAAAGCTCAATTTGGTGGG
 CAACGTTTCGGGGAGATGGAGGTTTGGGCCCTA -3'

35 SEQ ID N°4 : Séquence partielle du gène *rhoB* de *Streptococcus mutans*. Cette
 séquence mesure 3198 paires de bases, elle possède un contenu en cytosine
 plus guanosine de 42 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF
 535167.

5' -GGACCTTTTATGACTTCTTGGATACAGGTCTGAAGGAAGTTTTTGAAGATGTGCTTCCAATTT
 40 CCAATTTTACAGACACTATGGAATTAGAGTTTGTGGGTTATGAGTTGAAAGAGCCTAAGTATAC
 ATTGGAAGAAGCACGTGCTCATGATGCACATTATCTGCCCCCATCTTTGTTACTTTCCGTCTC
 ATCAATAAAGAACTGGTGAAATTAAGACACAAGAAGTATTTTTTGGTGATTTTCCCTTGATGA
 CTGAAATGGGTACTTTTATTATTAATGGTGTGAACGTATTATCGTTTCTCAGTTGGTACGTTT
 45 ACCAGGTGTTTTATTTAATGATAAAGTGGATAAAAAATGGGAAAATTTGGCTATGGTTCAACTGTT
 ATCCCTAACC CGGTGCTTGGCTTGAGCTTGAAACGGACTCTAAGGATATTGCTTACTACTCGTA
 TTGATCGTACTCGTAAAATTCCTTTTACGACGCTGGTTTCGTGCACCTCGGTTTTTCCGGGGATGA
 TGAGATTATTGATATTTTGGTGATAGCGAATTGGTTCGTAATACCATTGAAAAAGATATCCAT
 AAAAAATCCTAATGACTCTCGTACAGATGAAGCTCTCAAGGAANTTATGAACGTCTTCGTCCGGG
 50 TGAACCTAAAACGGCAGATTCTCAGCAGTCTTCTGATTGCACGTTTCTTTGATGCGCGCCGT
 TATGATTAGCAGCTGTTGGCCGCTATAGATAAAGAAGTTAAACGTCAAAACGGGTCTTTGAA
 TCAAGTCATTGGCTGAAAANNAGTAGATCTGAAACAGGCGAAATCTTGTGAAAGCTGGGACT
 GAAATGACACGCAGTGAATTGATTTCGATTGCAGATTATCTTGATGGAGATCTCAATAAAATTG
 TTTATACGCCAAATGAATACGCTGTTTTGACAGAACCTGTTGTTCTTCAAAAATTCAAAGTTAT
 55 GGCTCCAAATGATCCAGACCGCACGGTTACTGTTATTGGTAATGCCAGTCCAAGATGACAAAGT
 ACGTCACTTGACACCAGCCGATACGTATTAGCTGAAATGTCTTATTTCTTAACTTGGCTGAGG
 GTNTAGGTAAAGTTGATGATATTGACCATTTAGGCAACCGACGTATTCGTGCTGTTGGTGAATT

GCTTGCTAATCAATTTTCGTATTGGTTTGGCACGTATGGAACGCAATGTTTCGTGAACGCATGTCC
 GTTCAAGATAATGAAGTCTTAACGCCACAACAGATTATTAACATTCGCCCTGTAACAGCGGCAA
 TTAAAGAGTTTTTTGGTTCTTCTCAATTGTCACAGTTCATGGACCAACACAATCCACTGTCTGA
 ATTGTCTCATAAACGCCGTTTGTCTAGCTTTAGGTCTCTGGTGGTTTAAACAGCGACCGTGTCTGGT
 5 TATGAAGTCCGTGATGTGCACTATACGCATTATGGTCGTATGTGTCCAATTGAAACGCCTGAAG
 GACCAAATATTGGATTGATTAATAACTTGTCTTCTATGGTCATCTTAATAAATATGGATTAT
 CCAAACACCATAACCGTAAAGTTGACCGTGAGACAGGTAAAGTAACCAATGAAATCGAATGGCTT
 ACTGCTGATGAAGAAGATGAATTCACGTGTAGCTCAGGCTAACTCAAACTCAATGAAGATGGAA STRF
 10 GCTTTGCTGAAGAAATCGTTCATGGGACGTATCAAGGGAATAACCAAGAGTTTCCAGCAAGTTC
 TGTTGAATATATGGATGTTTCTCCTAAGCAGGTAGTTGCGGTAGCGACAGCATGTATTCCTTTC
 CTTGAAATGATGACTCCAACCGTGCCTTATGGGAGCTAACATGCAGCGCCAAGCTGTGCCAT
 TGATTGATCCTAAAGCACCTTTTGTGGAACTGGTATGGAATATCAAGCAGCCCATGATTCTGG
 AGCCGCTATTATCGCTCAACATAATGGGAAAGTGGTTTATTCGGATGCAGATAAGATTGAAGTT
 CGCCGTGAAGATGGCTCACTAGATGTTTATCATGTTACCAAATTCGTCGTTCTAACTCTGGAA
 15 CTGCCTACAATCAACGTACTCTTGTAGGGTAGGGCAGATAGTGTGAGAAGGGGGACTTTATTGC
 AGATGGTCCCTTCTATGGAAGGGGTGAGATGGCTCTTGGACAAAATCCAGTGGTTGCTTACATG
 ACTTGGGAGGGTTACAACCTTGAAGATGCTGTTATCATGAGCGAGCGTCTTGTCAAGGATGATG
 TTTTACTTCTGTCCATTTAGAAGAATTTGAATCTGAAACTCGTGATACAAAGCTTGGACCTGA
 AGAAATTACGCGTGAAATCCCAAATGTTGGTGAAGATGCCCTGAAAGACCTTGATGAAATGGGA
 20 ATTATTCGCATTGGTGTGAGGTTAAAGAAGGTGATATTCTAGTTGGTAAAGTGAATCCTAAAG
 GAGAAAAAGATCTTCTGCAGAAGAAGCCTCTTGCATGCCATTTTTGGTGACAAATCACGTGA
 AGTTCGTGATACTTCTCTTCGTGTACCTCATGGTGGCGACGGTGTGTTTGTGATGTGAAAATC
 TTTACACGTGCTAATGGAGATGAACTTCAATCAGGTGTTAACATGCTGGTTTCGTGTTTATATCG
 CTCAAAAACGTAAATCAAGGTCCGAGATAAGATGGCCGGACGTCATGGTAACAAGGGTGTCTGT
 25 TTCCCGTATTGTACAGTGGAAAGATATGCCATATCTTCCAGATGGAACACCTGTTGATATCATG
 CTTAATCCACTTGGGGTGCCATCACGGATGAACATGGGCAAGTTATGGAACCTCCATCTGGTA
 TGGCTGCTCGTAATTTGGGCATTTCATATTGCAACGCCTGTCTTTGACGGAGCAACTCTGTATGA
 TCTTTGGGAAACAGTAAAGAAGCCGGTATGGATTCTGATGCTAAAACCTGTTCTTTATGATGGT
 CGCACAGGGGAGCCGTTTGATAATCGTGTATCAGTTGGTGTATGTATATGATTAACTTCACC STRF
 30 ACATGGTTGATGAYAACCATTTTGTCTATGCAMAGWTCAGTTGGCCCTTAKTCAAYGAWTAMTC
 AGASGARTTCTCTGCTWGGTGTAAGGCTNCAATTGTCTTTAGAGGTTAAGGCTGGTGAAATAAC
 GGTATGCTGGTATTGATGGCAATGGGCAAGTGAATANTCAACACCGGCCGTCTACANCGTGC-3'

SEQ ID N°5 : Séquence partielle du gène *spoB* d'*Enterococcus faecalis*. Cette
 35 séquence mesure 3096 paires de bases, elle possède un contenu en cytosine
 plus guanosine de 42 %, et est déposée dans GenBank sous le numéro AF
 535175

5' -GACCCTTATCAATTGGTTTTTAGATGAGGGACTTCGTGAAATGTTTGAAGACATTTTACCAATT
 GATGATTTCCAAGGAAACTTATCCTTAGAATTTGTTGACTATGAATTAAGAACCAGTACA
 40 CAGTAGAAGAAGCCCGCGCACATGATGCCAATTTCTGCGCCATTACATGTAACATTACGTTT
 AACCAACCGTGAAACAGGTGAAATTAATCCCAAGAAGTCTTCTTCGGCGATTTCCCATTAATG
 ACAGAAATGGGTACCTTCATCATCAACGGGGCAGAACGTGTTATCGTTTCCCAATTAGTTCGTT
 CTCCAGGTGTTTACTTCCATGGAAAAGTGGACAAAACGGCAAAGAAGGTTTTGGCTCAACAGT
 CATTCTTAACCGTGGTGCATGGTTAGAAATGGAACAGATGCGAAAGACATTTCTTATGTTTCGG
 45 ATTGACCGCACACGTAAAATTCCTTTAACTGTGTTAGTTTCGTGCTTTAGGTTTCGGTTTCAGATG
 ATACCATCTTCGAAATTTTCGGCGACAGCGAAAGCTTACGCAACACAATTGAAAAAGATTTACA
 CAAAAACGCAAGTGATTCTCGTACAGAAGAAGGCTTGAAAGACATTTATGAACGTCTTCGCCCA
 GGCGAACCAAAAACAGCAGATAGCTCAGTAGCTTGTAACTTGCACGTTTCTTTGATCCAAAA
 CGTTATGATTTGGCAAACGTTGGTTCGCTACAAAGTTAACAAAAAATTAGACTTAAAAACACGTC
 50 TATTAAACTTAACCTTAGCTGAAACGCTAGTTGATCCAGAACTGGTGTAAATCATTTGTCGAAA
 AAGGCACAGTTTTTAACACACTACATCATGGAACATTAAGGCRATACATTGACAAACGGCTTAA
 ACAGCGTAACTTACTATCCAAGTGAAGATGCGGTAGTAACTGAACCAATGACGATCCAAGTGAT
 TCAAGTTCTTTACCAAAGATCCTGAACGTATCGTAAATGTGATTGGTAACGGCTATCCAGAC
 GACAGCGTAAAAACAGTTCGTCCAGCAGATATCGTTGCTTCAATGAGCTACTTCTTCAACTTAA
 55 TGGAAGATATCGGTAATGTGATGACATCGACCACTTAGGTAATCGTCGTATCCGTTTCAGTAGG
 CGAATTATTACAAAACCAATTCCGTATTGGTTTAGCCCGTATGGAACGTGTGGTTTCGTGAAAGA

ATGTCTATTCAAGACACAGAAACATTGACACCACAACAATTAATTAACATCCGTCCAGTGGTAG
 CAAGTATCAAAGAATTCTTTGGTTCTTCACAGTTATCACAGTTTCATGGACCAAACAAACCCATT
 AGGTGAGTTAACCATAAACGTCGTCTATCAGCCTTAGGGCCTGGTGGTTTGAAGTCTGATCGT
 5 GCGGTTATGAAGTTCGTGACGTTCACTACTCTCACTATGGTTCGTATGTGTCCAATTGAAACGC
 CTGAGGGACCAAATATCGGGTTGATCAATAGCTTATCTAGTTATGCGAAAGTGAATAAATTTGG
 TTTCATCGAAACGCCCTTATCGCCGTGTTGATCGTGCGACAGGCCGTGTTACTGATCAAGTAGAT
 TACTTAACAGCAGACATCGAAGACCATTATATCGTAGCGCAAGCGAACTCACTTTTAAATGAAG
 ATGGCACATTTGCCAATGATGTTGTTATGGCGCGTCTACAAAGTGAAAACCTTAGAAGTTGCCGT
 10 AGACAAAGTTGACTACATGGACGTTTACCAAACAAGTAGTCGCAGTCGCAACAGCATGTATT
 CCTTTCTTAGAAAACGATGACTCCAACCGTGCCTTGATGGGTGCCAACATGCAGCGTCAAGCGG
 TGCCGTTAATTCAACCACGCTCTCCGTGGGTAGGTACAGGTATGGAATATAAATCAGCCCATGA
 CTCAGGTGCTGCTTTACTATGTAAACATGACGGTGTCTAGTAATTCGTTCGATGCAAAAGAAAT STRF
 CGCGTTCGTGCGACAATGGCGCATTAGACAAATATATGGTTACAAAATTCGTCGTTCTAAT
 CAGGAACAAGCTACAACCAACGCCCAATTGTTCACTTAGGTGAAAAGTTGAAAAGGCGATACTT
 15 TACCGGATGGACCTTCTATGGAAGAAGCGAAATGGCTTTATGGCAAAACGTCCTTAGTTGCCCTC
 ATGACATGGGAAGGTTACAACCTACGAGGATGCCATTATCATGAGCCGTGCTTTAGTTAAAGACG
 ATGTCTACACTTCTGTGCATATTGAAGAATATGAATCAGAAGCACGTGATACAAAATTAGGACC
 TGAAGAAATTACCCGTGAAATTCCAAACGTTGGGGAAGACGCGTTGAAAGACTTAGACGAAATG
 GGGATTATCCGCATTGGTGCTGAAGTTCAAGATGGCGACTTACTAGTTGGGAAAGTCACACCTA
 20 AAGGGGTCACAGAATTATCTGCAGAAGACGTTTATTACACGCAATCTTCGGGGAAAAAGCCCG
 CGAAGTTCGTGATACGTCTCTCCGTGTACCTCACGGTGGCGCGGTATCGTTTCATGATGTGAAA
 ATCTTTACTCGTGAAGCTGGCGATGAATTTATCACCAGGTGTCAACATGTTAGTTTCGTGTCTATA
 TCGTTCAAAAACGTAAATTCACGAAGGAGATAAAATGGCGGGACGTCACGGAAATAAAGGGGT
 TGTTTCCCGTATTATGCCGAAGAAGATATGCCATTCTTACCTGACGGAACACCTGTTGATATC
 25 ATGTTGAACCCATTAGGGGTACCTTCTCGTATGAATATCGGACAAGTACTTGAATTACACTTAG
 GTATGGCTGCTCGCCAATTAGGTATTCACGTGCGAACACCTGTTTTCGATGGGGCAACCGATGA
 AGACGTTTGGGAACTGTTTCGTGAAGCTGGTATGGCTAGCGATGCTAAAACAGTTCTTTACGAT
 GGACGTACAGGTGAACCATTTGATAACCGTATTTCCGTTGGTGTCTATGTATATGATTAAATTAG
 30 CCCACATGGTTGATGACAAATTGCATGCTCGTTCAATCGGACCTTACTCTCTTGTACGCAACA STRR
 ACCGTTGGGTGTAAAGCTCAATTC-3'

Dans les séquences qui précèdent, le nucléotide K désigne T ou G, le
 nucléotide M désigne A ou C, le nucléotide R désigne A ou G, le nucléotide W
 désigne A ou T, le nucléotide Y désigne C ou T et le nucléotide N désigne A, T,
 35 C ou G.

Exemple 2 : Séquençage partiel du gène *rpoB* de 28 espèces du genre
Streptococcus et genres apparentés.

A partir de l'alignement des séquences complètes du gènes *rpoB* chez
Streptococcus spp. et *Abiotrophia defectiva* de l'exemple 1 et celles connues
 40 dans GenBank, (*Streptococcus pneumonia* AE008542 et *Streptococcus*
pyogenes AE006480) un jeu d'amorces a été choisi pour l'amplification et le
 séquençage d'un fragment 709 à 740 pb de ce gène chez 28 souches type de
 ces genres bactériennes. Ces amorces ont pour séquence :

- SEQ ID N°6: 5'-AARYTIGMCCTGAAGAAAT-3'
- 45 - SEQ ID N°7: 5'-TGIARTTTRTCATCAACCATGTG-3'

La séquence SEQ ID n° 7 est utilisée à titre d'amorce 3' et représente donc la séquence inverse complémentaire du brin direct représenté dans les séquences SEQ ID n° 1 à 5 qui précèdent.

Ces amorces sont incorporées avec l'ADN extrait des bactéries dans une
 5 PCR selon les conditions suivantes : dénaturation à 95°C pendant 1 min suivie de 35 cycles comportant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 52°C pendant 10 sec et une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec.

Les produits amplifiés sont séquencés par les mêmes amorces SEQ ID
 10 N°6 et SEQ ID N°7 selon les conditions suivantes : dénaturation à 95°C pendant 1 min suivie de 30 cycles comportant une étape de dénaturation à 95°C pendant 30 sec, une étape d'hybridation à 52°C pendant 30 sec et une étape d'hybridation à 62°C pendant 1 min. Les produits de séquençage sont analysés par un séquenceur ABI PRISM 3100.

15 Les inventeurs ont déterminé la position de ces deux amorces SEQ.ID. n° 6 et SEQ.ID. n° 7, de façon à respecter les critères suivants :

- 1- séquence encadrée par ces deux amorces spécifiques de l'espèce de la bactérie. Cette condition est vérifiée après alignement des fragments de environ 720 pb avec l'ensemble des séquences des gènes bactériens *rpoB* disponibles
 20 dans les banques de données informatiques.
- 2- recherche d'une région d'identification la plus courte possible afin d'augmenter le plus possible la sensibilité de la détection moléculaire
- 3- la longueur des amorces de 18 à 22 pb,
- 4- séquence des amorces présentant une température de fusion voisine,
- 25 5- séquence des amorces ne permettant pas d'auto-hybridation ni de complémentarité.

Les fragments obtenus du gène *rpoB* des bactéries des espèces du genre *Streptococcus* et desdits genres apparentés ont environ 720 (709 A 732) paires de bases et leur séquence est spécifique de chaque espèce de ce genre et
 30 permettant donc l'identification moléculaire des bactéries des 28 espèces testées sont :

SEQ.ID. n°8 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus suis* CIP 1032 17^T mesurant 709 paires de bases :

5' – CGCGAAATTCCAAACGTTGGTGAAGATGCCCTTCGCAACTTGGACGAAA
 TGGGGATTATCCGTATTGGTGCCGAAGTTAAAGAGGGCGACATTCTTGTTGG
 TAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAAGATCTTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTTGC
 ACGCAATCTTCGGTGACAAGTCACGTGAAGTACGTGATACCTCTCTTCGTGTA
 5 CCTCACGGTGCCGATGGTGTCTCGTTTCGTGATGTGAAAATCTTTACTCGTGCCAA
 CGGTGATGAATTGCAATCAGGTGTTAACATGTTGGTTCGTGTTTACATCGCTC
 AAAACGTAAGATCAAGGTCGGAGATAAGATGGCCGGTCGTACGGTAACAA
 GGGTGTCGTTTCACGTATTGTACCTGTTGAGGATATGCCATATCTTCCAGATG
 GAACACCAGTTGACATCATGTTGAACCCACTCGGGGTGCCATCACGTATGAAC
 10 ATCGGTCAGGTTATGGAACCTTCACTTGGGTATGGCGGCTCGCAACTTGGGCA
 TCCATATCGCAACACCAGTTTTTCGATGGTGCAAGTTCAGAAGACCTCTGGTCA
 ACTGTTAAAGAAGCAGGTATGGACTCAGATGCCAAGACCATTCTTTACGATGG
 ACGTACAGGTGAACCATTTGACAACCGTGTATCTGTTGGTGTTCATGTACATGA
 TCAAGCTTCACCACATGGTTGATGACA – 3'

15

SEQ.ID.n°9 : séquence partielle du gène *rpoB* *Streptococcus sanguinis* CIP
 55.128^T mesurant 725 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGTGAGCTTAATCATGTACATGACACCGACAGATA
 CACGGTTGTCAAACGGCTCACCGGTACGTCCATCGTAAAGAATAGTCTTGGCA
 20 TCGCTATCCATACCAGCTTCACGGACAGTATCCCAGAGGTCTTCTGAGCTTGC
 TCCATCAAAGACCGGTGTCGCAATATGGATGCCCAAGTTACGTGCTGCCATAC
 CAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCAATGTTTCATACGTGATGGTACCCCGAGT
 GGGTTCAGCATGATATCAACTGGTGTTCGGTCTGGCAAATAAGGCATGTCTTC
 CACAGGAACGATACGGGATACAACCCCTTGTTTCCGTGACGACCAGCCATCT
 25 TATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTTTGTAGCGATGTAGACACGAACCAACATAT
 TAACGCCAGATTGCAACTCATCACCATTAGCACGGGTAAAGATCTTCACGTCA
 CGAACCCTCCATCAGCACCGTGCGGCACACGCAGAGAGGTATCACGGACTTC
 ACGAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGGCGCTCTTCAGCAGAAAGA
 TCTTTTTCACCCCTTAGGGGTAACTTTACCTACAAGGATATCGCCTTCCTTGACT
 30 TCCGCCCCGATGCGGATAATACCCATTTTCGTCCAAATTGCGTAGGGCATCTTC
 CCCTACGTTTGAATTTTCGCGGGTAATTCTTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°10 : séquence partielle du gène *rpoB* *Streptococcus salivarius* CIP
 102503^T mesurant 728 paires de bases :

5'- TTGTCATCAACCATGTGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAACTGAT
 ACACGGTTATCAAATGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTCTTAGC
 ATCACTATCCATACCTGCTTCACGAACAGTATCCCAGAGGTCTTCTGAGCTTGC
 CCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCCAAGTTACGAGCAGCCATA
 5 CCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCGATGTTTCATACGTGATGGCACCCCAAG
 AGGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCT
 TCAACAGGAACAATACGAGAAACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCAT
 CTTATCTCCGACCTTAATCTTACGTTTTTGAGCGATGTAAACACGAACAAGCAT
 GTTAACACCTGATTGCAATTCATCACCGTTTGCACGTGTGAAGATTTTAACATC
 10 ACGAACGACACCATCACCACCGTGAGGTACACGGAGTGAGGTATCACGTACT
 TCACGAGATTTATCACCAAAGATAGCATGGAGAAGACGTTCTTCAGCAGAAA
 GGTCTTTTTACCCCTTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTTAA
 CCTCAGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGAGCTTCTT
 CACCAACGTTTGGCAATTCACGTGTAATTTCTTCAGGTCCA - 3'

15

SEQ.ID. n°11 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus pyogenes*
 CIP 56.41^T mesurant 725 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATATACATGACACCAACGGAT
 ACACGGTTGTCAAATGGTTCACCGGTGCGACCATCATAAAGGACCGTCTTAGC
 20 ATCGCTATCCATACCAGCTTCACGAACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAG
 CCCCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTGAATACCAAGATTACGAGCAGCCATA
 CCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCAATATTCATCCGTGATGGCACCCCAAG
 AGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTTCGGTCTGGAAGGTATGGCATGTCT
 TCAACTGGTACAATACGTGAAACGACACCCCTTGTTTCCGTGACGACCGGCCAT
 25 TTTATCTCCGACCTTGATTTTACGTTTTTGAGCGATGTAAACACGCACAAGCAT
 ATTAACACCTGATTGCAATTCATCGCCGTTAGCGCGTGTAAAGATTTTCACATC
 ACGAACGATACCATCACCACCGTGAGGGACACGAAGTGAGGTATCACGCACT
 TCACGCGATTTATCCCCAAAGATGGCGTGAAGTAAACGTTCTTCAGCAGAAAG
 GTCTTTTTACCTTTAGGTGTGACTTTACCTACTAAGATGTGCGCTTCTTTAAC
 30 CTCAGCACCGATACGGATAATGCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCTTCTT
 CACCAACATTTGGGATTTCCGAGTGATTCTTCAGGGCA - 3'

SEQ.ID. n°12 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus pneumoniae* CIP 102911^T mesurant 724 paires de bases :

5' - CAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTACATGACTCCGACAGAAAACACG
 GTTATCAAACGGTTCACCAGTACGTCCATCGTAAAGGATCGTTTTTGGCATCGC
 5 TATCCATACCTGCTTCTTTAACAGTTGACCAAAGATCTTCAGAACTTGCTCCAT
 CAAAGACTGGTGTGCGGATGTGAATACCAAGAGTACGAGCTGCCATACCAAG
 GTGAAGCTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGTACCCCAAGTGGGT
 TCAACATGATGTGCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCTTCTACA
 GGAACGATACGAGAGACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCGGCCATTTTATC
 10 TCCGACCTTAATCTTACGTTTTTGAGCGATGTAAACACGAACCAACATGTTAAC
 ACCTGATTGCAACTCATCTCCATTTACACGTGTAAAGATCTTAACATCACGAAC
 GACACCATCGGCACCGTGTGGTACACGAAGAGAAGTATCACGCACTTCACGA
 GACTTGTCTCCAAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTTCAGCTGAAAGATCTTT
 CTCACCCCTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGAATATCACCTTCTTTAACCTCAGCA
 15 CCAATACGGATAATCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCATCTTCACCAACG
 TTTTGGAATTCGCGAGTGATTTCTTCAGGTCCAA - 3'

SEQ.ID. n°13 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus oralis* CIP 102922^T mesurant 740 paires de bases :

20 5' - CAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTACATGACAACCAACTGATAACAC
 GGTTGTCAAAACGACTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTTGGCATC
 GCTATCCATACCTGCTTCTTTAACAGTGTCCCAAAGGTCTTCCGAACCTTGCTCC
 GTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCAAGAGTACGGGCTGCCATACCA
 AGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGCACCCCAAGTG
 25 GGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAGGCATGTCTTCT
 ACAGGAACGATACGAGAGACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCGGCCATCTT
 ATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTTTGAGCGATGTAGACACGAACCAGCATATT
 CACACCAGATTGCAACTCATCACCATTTGCACGTGTAAAGATCTTAACATCACG
 AACGACACCATCGGCACCGTGAGGTACTCGAAGAGAAGTATCACGCACTTCAC
 30 GAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTTCAGCAGAAAGGTC
 TTTTTCACCCCTTAGGTGTGACTTTACCTACAAGGATATCTCCTTCTTTAACCTCA
 GCACCAATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTAAGGGGCATCTTCAT
 CAACGTTTTNGNATTTACGATTTATTTCTCAGGGCCAACTTTTTGGGTGT -
 3'

SEQ.ID. n°14 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus mutans* CIP 103220^T mesurant 728 paires de bases :

5' - TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTAATCATATACATAACACCAACTGATA
 5 CACGATTATCAAACGGCTCCCCTGTGCGACCATCATAAAGAACAGTTTTAGCA
 TCAGAATCCATACCGGCTTCTTTTACTGTTTCCCAAAGATCATCAGAAGTTGCT
 CCGTCAAAGACAGGCGTTGCAATATGAATGCCCAAATTACGAGCAGCCATACC
 AAGATGGAGTTCCATAACTTGCCCAATGTTTCATCCGTGATGGCACCCCAAGTG
 GATTAAGCATGATATCAACAGGTGTTCCATCTGGAAGATATGGCATATCTTCC
 10 ACTGGTACAATACGGGAAACGACACCCTTGTTACCATGACGTCCGGCCATCTT
 ATCTCCGACCTTGATTTTACGTTTTTGTAGCGATATAAACACGAACCAGCATGTT
 AACACCTGATTGAAGTTCATCTCCATTAGCACGTGTAAAGATTTTCACATCACA
 AACAAACACCGTCGCCACCATGAGGTACACGAAGAGAAGTATCACGAACCTTCAC
 GTGATTTGTACCAAAAATGGCATGCAAGAGGCGTTCTTCTGCAGAAAGATCT
 15 TTTTCTCCTTTAGGAGTCACTTTACCAACTAGAATATCACCTTCTTTAACCTCAG
 CACCAATGCGAATAATTCCCATTTTCATCAAGGTCTTTCAGGGGCATCTTCACCAA
 CATTTGGGATTTTCACGCGTAATTTCTTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID.n°15 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus mitis* CIP 103335^T mesurant 730 paires de bases :

20 5' - TGTCATCAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTAACATGACTCCGACAGA
 AAACACGGTTATCAAATGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTTG
 GCATCGCTATCCATACCAGCTTCTTTAACAGTTGACCAAAGATCTTCAGAACTT
 GCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACCAAGAGTACGAGCTGCCA
 25 TCCCAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGCACCCCA
 AGTGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCATCTGGAAGGTAAGGCATAT
 CTTCTACAGGAACGATACGAGAGACAACCCCTTTATTTCCGTGACGTCCGGCC
 ATCTTATCTCCGACCTTGATCTTACGTTTTTGTAGCGATGTAGACGCGAACCAG
 CATGTTGACACCTGATTGCAATTCATCTCCATTTGCACGTGTAAAGATCTTAAC
 30 ATCACGAACCACACCATCAGCTCCGTGTGGTACACGAAGAGAAGTGTACGTA
 CTTACAGAGATTTATCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGCCGTTCTTCAGCTGAA
 AGGTCTTTCTCACCCCTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGGATATCCCCCTCTTTA
 ACCTCAGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGATCTTTAAGGGCATC
 TTCCCAACGTTTGGGATTTTCACGAGTAATTTCTTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°16 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus equinus*
CIP 102504^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTWATCATGTACATGACACCAACTGAC
5 ACACGGTTATCAAATGGTTCACCAGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTCTTAGC
GTCGCTAGCCATAACCAGCTTCGTAACTGTATCCCAAAGGTCTTCAGAAGTTG
CCCCATCAAAGACTGGTGTGCAATGTGAATACCAAGGTTACGAGCAGCCATA
CCAAGGTGAAGCTCCATAACTTGTCCGATGTTTCATACGAGATGGCACCCCAAG
TGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGATAAGGCATGTCT
10 TCAACTGGAACAACACGAGAAACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCAT
TTTATCTCCGACTTTGATTTTACGTTTTTGTGCGATATAAACACGAACGAGCAT
GTTAACACCTGATTGTAATTCATCACCGTTTGCACGTGTAAAGATTTTAACGTC
ACGAACGACACCATCTCCACCGTGTGGTACACGAAGTGATGTATCACGAACCTT
CACGTGATTTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGCTCTTCAGCAGAAAG
15 GTCTTTTTCACCTTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGGATGTCACCTTCTTTAACT
TCAGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTAAGAGCTTCTTCA
CCAACGTTTGGAATTTTCGCGAGTGATTTCTTCAGGTCA - 3'

SEQ.ID. n°17 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus constellatus*
20 CIP 103247^T mesurant 731 paires de bases :

5'- AGTTGTCATCAACCATGTGTGCAATTTAATCATATACATGACACCGACAGA
TACACGGTTGTCAAACGGCTCGCCCGTACGACCATCATAAAGAATCGTCTTGG
CATCGCTATCCATGCCTGCTTCACGAACAGTATCCCAAAGGTCATCTGAGCTT
GCTCCGTCAAATACTGGCGTTGCTATGTGGATACCAAGGTTGCGAGCAGCCA
25 TACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCGATATTCATACGTGATGGCACCCCA
AGTGGGTTCAACATGATGTCTACTGGTGTTCGTCTGGAAGATAAGGCATAT
CCTCAACTGGAACGATACGGGAAACAACCCCTTTATTTCCGTGGCGTCCGGCC
ATCTTATCCCAACGCGGATCTTTTCGTTTTTGTAGCAATGTAAACACGCACCAAC
ATGTTGACACCAGATTGCAATTCATCACCGTTTCGCACGAGTAAAGATTTTCAC
30 ATCACGGACAACCCAGCACCACCATGTGGTACACGAAGAGATGTGTCACGTA
CTTCACGAGATTTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGCGGAT
AAGTCTTTTTCACCTTTTCGGCGTTACTTTACCGACAAGAATGTCGCCCTCTTTC
ACCTCAGCACCAATGCGGATAATTCCCATTTTCGTCAAGGTCTCTTAGCGCATCT
TCCCAACGTTTGGAATTTTCGCGCGTAATTTCTTCAGGTCCAA - 3'

SEQ.ID. n°18 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus anginosus* CIP 102921^T mesurant 730 paires de bases :

5' – TTGTCATCAACATGTGGTGGGGTGATCATGTAACATGACACCAACGGATA
 5 CACGATTATCAAATGGCTCACCAGTACGGCCATCATAAAGGATTGGTCTTAGC
 ATCGCTATCCATGCCAGCTTCACGAACGGTTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAG
 CCCCGTCAAATACTGGTGTGCAATGTGAATGCCAAGGTTGCGAGCAGCCAT
 ACCGAGGTGAAGCTCCATAACTTGACCAATATTCATACGAGATGGCACCCCAA
 GTGGGTTCAACATAATATCAACTGGTGTTCATCTGGAAGATACGGCATATCC
 10 TCAACTGGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCAGCCAT
 CTTATCCCCAACACGGATTTTCCGTTTTTGTAGCGATGTAAACACGTACCAACAT
 GTTGACACCAGATTGCAATTCATACCGTTTCGCACGAGTAAAGATTTTCACATC
 ACGGACAACCCCTGCACCACCATGTGGTACACGAAGGGAAGTATCACGTACTT
 CACGAGATTTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGCAGATAAG
 15 TCTTTTTCACCTTTCGGTGTACTTTACCGACAAGAATGTGCGCTTCTTTTACCT
 CAGCACCAATGCGGATAATTCCCGTTTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATmTTCA
 CNGACGTTTGGAATTTGCGCGCGTGATTTCTTCAGGTCCAAA – 3'

SEQ.ID. n°19 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus dysgalactiae* CIP 102914^T mesurant 728 paires de bases :

5' – TGTCATCAACCATGTGGTGGAGTTTAATCATGTACATGACACCAACGGAT
 ACACGGTTGTCAAATGGTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGACCGTCTTAGC
 ATCGCTATCCATACCAGCTTCACGAACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAG
 CCCCCTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTGAATACCAAGATTACGAGCAGCCATA
 25 CCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCAATGTTTCATCCGTGATGGCACCCCAAG
 AGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTTCATCTGGAAGGTATGGCATGTCTT
 CAACTGGTACAATACGTGAAACGACACCCCTTGTTTCCGTGACGACCAGCCATT
 TTATCTCCGACTTTGATCTTACGTTTTTGTAGCAATGTAAACACGCACAAGCATA
 TTAACACCTGATTGCAATTCATCGCCGTTAGCGCGTGTAAGATTTTCACATCA
 30 CGAACGATACCATCACCACCGTGAGGTACACGAAGGGACGTATCACGAACCTTC
 ACGTGATTTATCTCAAAGATGGCATGCAAGAGACGCTCTTCAGCAGAAAGGT
 CTTTTTCACCTTTAGGTGTGACTTTACCTACTAAGATGTGCGCTTCTTTAACCTC
 AGCACCGATACGGATAATTCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGCGCTTCTTCACC
 AACGTTTGGAATTTGCGGGGTGATTTCTTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°20 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus bovis* CIP 102302^T mesurant 728 paires de bases :

5' – TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGATACCAACAGAG
 5 ACACGATTATCAAATGGTTCACCTGTACGACCGTCATAAAGAACTGTCTTAGC
 GTCGCTATCCATAACCAGCTTCACGAACAGTATCCCAAAGGTCTTCTGAAGTTG
 CCCCGTCAAAGACTGGAGTTGCAATGTGAATACCGAGGTTACGAGCTGCCAT
 ACCAAGGTGAAGTTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGAGATGGCACCCCAA
 GAGGGTTCAACATGATATCAACTGGAGTTCCGTCTGGAAGATATGGCATGTC
 10 TTCAACAGGAACGATACGAGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCCA
 TTTTATCTCCGACTTTGATTTTACGTTTTTGTGCAATGTAAACACGAACGAGCA
 TGTTGACACCTGATTGCAATTCATCACCGTTAGCACGTGTGAAGATTTTAA
 TCACGAACAACACCGTCTCCACCGTGTGGCACACGAAGTGATGTATCACGTAC
 TTCACGAGATTTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGTTCTTCAGCAGAAA
 15 GGTCTTTTTACCTTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGGATATCACCTTCTTTAA
 CTTCAGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTAAGAGCTTCTT
 CACCAACGTTTGGAATTTGCGGAGTGATTTCTTCAGGTCAA – 3'

SEQ.ID. n°21 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus acidominimus* CIP 82.4^T mesurant 728 paires de bases :

5' - TTGTCATCAACCATGTGGTGGAGCTTAATCATGTACATGACACCAACAG
 ACACACGGTTATCAAATGGTTCACCAGTACGACCATCATAAAGAATCGTTTTTA
 GCATCGCTGTCCATTCTGCCTCTTTAACAGTTGACCAGAGATCCTCTGAGCTC
 GCACCATCGAAAACCGGTGTTGCGATATGGATACCCAAGTTACGAGCAGCCAT
 25 ACCCAAGTGCAGTTCCATAACCTGACCAATATTCATACGAGATGGCACCCCAA
 GTGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTTCATCTGGAAGATATGGCATGTCT
 TCAACTGGTACAATACGAGAAACGACACCCCTTGTTACCGTGACGACCGGCCAT
 CTTATCTCCGACCTTAATCTTGCGTTTTTGTGAGCGATATACACACGTACCAGCAT
 ATTAACACCAGACTGTAGCTCATCACCATTAGCACGCGTAAAGATTTTCACATC
 30 ACGAACAACACCATCTGCACCGTGTGGCACACGTAGAGAGGTATCACGTACTT
 CACGTGATTTGTCACCGAAGATAGCATGCAAGAGACGCTCCTCAGCAGAAAG
 ATCTTTTTACCTTTTGGTGTACCTTACCAACAAGAATATCGCCTTCTTTAACT
 TCTGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCTTCTTC
 ACCAACGTTTGGAATTTACGAGTAATTTCTTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°22 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus agalactiae* CIP 103227^T mesurant 733 paires de bases :

5' – TGAGTTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAA
 5 CTGACACACGGTTATCGAATGGTTCACCAGTACGACCATCATAAAGAACAGTC
 TTAGCATCTGAATCCATACCTGCTTCTTGAACAGTTTCCCAAAGGTCTTCTGAA
 GAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATACCTAAATTACGAGCAGC
 CATACCTAAATGAAGCTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGTGATGGCACCCC
 AAGTGGGTTCAACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAGTAAGGCATAT
 10 CTTCAACAGGAACAATACGTGAGACGACACCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCC
 ATCTTATCACCGACTTTGATTTTACGTTTTTGAGCGATATAAACGCGGACAAG
 CATATTAACACCTGATTGCAATTCATCACCATTTGCACGAGTAAAGATTTTAAC
 GTCACGAACTACTCCATCGCCACCGTGAGGTACACGTAGTGAAGTATCACGAA
 CTTACGTGATTTATCACCAAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTCAGCAGAT
 15 AAGTCCTTTTACCCCTTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTTT
 ACCTCAGCACCAATGCGGATAATTCCCATTTTCATCGAGATCACGTAGTGAATC
 TTCACCAACATTTTGGATTTACGAGTAATTTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°23 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus difficilis* CIP 103768^T mesurant 714 paires de bases :

5' – TTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAACTGAC
 ACACGGTTATCGAATGGTTCACCAGTATGACCATCATAAAGAACAGTCTTAGCAT
 CTGAATCCATACCTGCTTCTTGAACAGTTTCCCAAAGGTCTTCTGAAGAAGCCCC
 ATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATACCTAAATTACGAGCAGCCATACCTAAA
 25 TGAAGCTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGTGATGGCACCCCAAGTGGGTTCA
 ACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAATAAGGCATATCTTCAACAGGAAC
 AATACGTGAGACGACACCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCCATCTTATCACCGACT
 TTGATTTTACGTTTTTGAAGCGATATAAACGCGGACAAGCATATTAACACCTGATT
 GCAATTCATCACCATTTGCACGAGTAAAGATTTTAACGTCACGAACTACTCCATC
 30 GCCACCGTGAGGTACACGTAGTGAAGTATCACGAACTTCACGTGATTTATCACCA
 AAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTCAGCAGATAAGTCCTTTTACCCCTTAGGCG
 TTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTTTACCTCAGCACCAATGCGGATAATT
 CCCATTTTCATCGAGATCACGTAGTGAATCTTCACCAACATTTGGAATTTACGAG
 TA – 3'

SEQ.ID. n°24 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus intermedius* CIP 103248^T mesurant 728 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATGTACATGACACCAACGGAC
 5 ACACGGTTATCAAACGGTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGATTGTCTTAGC
 ATCGCTATCCATACCTGCTTCACGAACGGTTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAGC
 TCCGTCAAAGACTGGCGTTGCAATGTGGATACCAAGTTGCGAGCAGCCATAC
 CGAGGTGCAATTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGTGACGGCACCCCAAGA
 GGATTCAACATGATATCAACTGGTGTCCCGTCTGGAAGATACGGCATATCCTC
 10 AACTGGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGGCGTCCGGCCATCT
 TATCTCCAACGCGGATTTTCCGTTTTTGAGCGATATAAACACGTACCAACATGT
 TGACACCGGATTGCAATTCATCACCGTTTCGCACGAGTAAAGATTTTACATCAC
 GGACAACACCTGCACCACCGTGTGGTACACGAAGGGAGGTATCACGCACTTC
 ACGAGACTTATCACCAAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGCGGATAAAT
 15 CTTTTTACCTTTCGGCGTTACTTTACCGACAAGAATGTCGCCTTCTTTTACCTC
 AGCACCAATGCGGATAATTCCCATCTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATCTTCCCC
 GACGTTTGGAATTTGCGCGGTGATTTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°25 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Streptococcus equi* CIP 102910^T mesurant 728 paires de bases

5'- TGTCATCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATATACATGACACCAACTGAC
 ACACGATTATCAAACGGCTCACCAGTACGGCCATCATAAAGAACAGTCTTAGC
 ATCGCTATCCATACCTGCTTCACGAACAGTTTCCCAAAGGTCCTCAGACGTAGC
 TCCGTCAAAGACCGGTGTTGCGATATGGATACCCAAATTACGAGCAGCCATAC
 25 CTAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCAATGTTACATACGAGACGGCACCCCAAGA
 GGGTTCAGCATGATGTCAACAGGGGTTCGGTCTGGCAGATATGGCATATCCT
 CAACCGGTACAATACGTGAGACGACACCCTTGTTACCATGACGCCCGGCCATT
 TTATCTCCGACCTTGATTTTACGCTTTTGAGCAATGTAAACACGCACCAGCATA
 TTAACACCTGATTGAAGCTCATCACCATTTGCGCGTGTAAAGATCTTCACATCA
 30 CGTACAATCCCGTCACCACCATGAGGAACACGTAACGAGGTATCACGAACCTC
 ACGTGATTTATCACCAAAGATAGCATGCAGGAGACGTTCTTCAGCAGAAAGG
 TCTTTTTACCCCTTAGGAGTTACCTTACCAACAAGAATATCGCCTTCTTGACC
 TCTGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCATCAAGGTCCTTGAGGGCTTCTTCA
 CCAACGTTTGGCACCTTCACGTGTGATTTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°26 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus gallinarum* CIP 103013^T mesurant 718 paires de bases :

5'- TCATCAACCATGTGGGCCAATTTGATCATATACATGACACCTACGGAGAT
 5 TCGACCATCAAATGGTTCTCCAGTACGGCCATCATACAAAACGGTTTTTGGCGT
 CGCTAGCCATGCCGGCTTCTGCAACTGTTGCCAGACATCTTCATCGCTGGCA
 CCATCAAAGACTGGTGTAGCCACGTGGATTCTTAATTGGCGGGCAGCCATTCC
 TAAGTGTAATTCCAATACTTGTCCAATGTTTCATCCGTGAAGGCACCCCTAATG
 GGTTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCT
 10 TCTGGCATAATGCGAGAAACGACCCCTTTATTTCCGTGACGGCCGGCCATTTT
 ATCCCCCTTCATGGATTTTCCGTTTTTGAACGATATACACGCGAACGAGCATATT
 GACACCTGGTGACAATTCATCGCCAGCTTCGCGGGTAAAGATTTTCACATCAT
 GGACGATTCCGCCACCACCGTGAGGTACGCGCAGAGAAGTATCGCGGACTTC
 GCGGGCTTTTTTACCAAAGATTGCATGAAGCAAGCGTTCTTCTGCAGATASTT
 15 CCGTTACCCCTTYAKGCGTTACTTTACCAACCANCAGATCGCCATCTTTGACTT
 CCGCANCAATGCGNNNNNNNNNNCTTNNNCAAANCNTTCAATGCGTCTTCC
 CGACATTCGGGATTCACGAGTGATTCTCAGTCA – 3'

SEQ.ID. n°27 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus casseliflavus* CIP 103018^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGGCCAATTTGATCATGTACATGACACCAACGGAG
 ATGCGGCCATCAAATGGTTCGCCGGTACGTCCGTCTGTAAGCACTGTTTTGGC
 ATCGCTGGCCATTCTGCTTCAGCAACCGTTGCCCAAACATCTTCATCGCTGGC
 TCCATCAAAGACTGGTGTGTCACGTGAATGCCTAATTGACGCGCAGCCATT
 25 CTAAGTGTAACCTCTAATACTTGTCCAATGTTTCATCCGAGAAGGTACCCCTAATG
 GGTTTACGATGATATCGACTGGTGTGCCATCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCT
 TCTGGCATAATGCGAGAAACGACCCCTTTGTTTTCCGTGACGTCCGGCCATTTT
 ATCCCCTTCATGGATTTTCCGTTTTTGAACGATATAAACGCGAACCAGCATGTT
 CACACCTGGTGACAATTCATCGCCAGCTTCGCGGGTAAAGATTTTGACATCGT
 30 GGACGATTCCGCCGCCGCCGTGAGGCACGCGTAGAGAAGTGTCACGCACTTC
 GCGGGCTTTTTTACCAAAGATTGCGTGCAACAAACGCTCTTCTGCTGAAAGTT
 CCGTTACCCCTTTTGGCGTGACTTTCCCAACAAGCAGATCGCCATCTTTGACTT
 CCGCACCAATGCGGATAATGCCCATTTTCGTCTAGGTCTTTCAACGCGTCTTCCC
 AACGTTTCGGGATTTTCGCGAGTGATTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°28 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus saccharolyticus* CIP 103246^T mesurant 721 paires de bases :

5'- TGTCAATCAACCATGTGGGCAAGTTTAATCATGTACATTACCCCAACAGAG
 5 ATACGACCATCGAATGGTTCACCCGTACGTCCGTCATAAAGAACAGTTTTTCGC
 ATCGCGCGCCATGCCCCGCTTCGCGAACTGTTTCCCATACGTTCATCATCTGATGC
 ACCATCAAATACTGGTGTAGCTACATGGATGCCTAACTGACGTGCAGCCATCC
 CTAAGTGTAATTCCAATACTTGTCCGATGTTTCATACGAGATGGTACTCCTAGT
 GGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTGCCGTCTGGTAAGAATGGCATGTCTTC
 10 TTCTGGCATAATGCGAGAGACAACCCCTTTGTTACCATGACGTCCCGCCATTTT
 ATCTCCTTCGTGAATCTTACGTTTTTGCACGATATAAACACGAACATAACATGTT
 CACACCTGGAGATAATTCGTGCGCTGCTTCACGGGTAAAGATTTTAACATCGT
 GAACGATACCGCCACCGCCGTGAGGAACACGTAATGATGTATCACGTACTTCA
 CGTGCTTTTTTCACCGAAGATTGCGTGCAATAGACGTTCTTCTGCAGATAATTC
 15 GGTACCCCTTTAGGAGTGACTTTACCTACTAATAAGTCGCCATCTTGTACTTC
 GGCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCTAAGTCTTTTAATGCGTCTTCCCC
 AACGTTAGGAATTTTCGCGTGTATTCTTCAG – 3'

SEQ.ID. n°29 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus faecium* CIP 103014^T mesurant 727 paires de bases :

5'- TGTCAATCAACCATGTGAGCAAGTTTGATCATGTACATCACACCGACAGAC
 ACACGTCCATCAAATGGTTCACCTGTACGTCCGTCGTACAGAACAGTTTTTCGC
 ATCGCTGGCCATACCGGCTTCACGAAGTGTTCATACGTCTTCATCACTTGC
 ACCATCAAATACTGGCGTTGCTACGTGGATACCTAACTGACGTGCAGCCATAC
 25 CCAAGTGTAATTCCAATACTTGCCCGATGTTTCATACGTGAAGGCACCCCTAAA
 GGATTCAGCATGATATCGATTGGTGTTCATCAGGTAGGAATGGCATATCTTC
 TTCCGGCATAATACGGGATACAACCCCTTTATTTCCGTGACGACCGGCCATTTT
 ATCCCTTCATGGATTTTACGTTTTTGAACGATATAAACACGAACATAACATGTT
 TACGCTGGTGACAATTCATCTCCAGCTTCACGAGTAAAGATTTTCACATCGT
 30 GAACGATACCGCCGCGCCCATGTGGTACACGTAATGATGTATCGCGGACTTCA
 CGAGCTTTTTTCGCCAAAGATCGCATGCAATAGACGTTCTTCTGCAGATAATTCT
 GTTACCCCTTTTGGCGTGACTTTCCCTACAAGCAAATCGCCATCTTGGACTTCT
 GCACCAATACGGATGATACCCATTTTCGTCTAAATCTTTTAATGCGTCTTCCCGA
 CATTAGGGATTTTCGCGTGTGATTCTTCAGGTCCA – 3'

SEQ.ID. n°30 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus faecalis* CIP 103015^T mesurant 724 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGGGCTAATTTAATCATATACATGACACCAACGGAA
 5 ATACGGTTATCAAATGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTTTTAGC
 ATCGCTAGCCATACCAGCTTCACGAACAGTTTCCCAAACGTCTTCATCGGTTGC
 CCCATCGAAAACAGGTGTTGCGACGTGAATACCTAATTGGCGAGCAGCCATAC
 CTAAGTGTAATTCAAGTACTTGTCCGATATTCATACGAGAAGGTACCCCTAAT
 GGGTTCAACATGATATCAACAGGTGTTCCGTCAAGGTAAGAATGGCATATCTTC
 10 TTCCGGCATAATACGGGAAACAACCCCTTTATTTCCGTGACGTCCCGCCATTTT
 ATCTCCTTCGTGAATTTTACGTTTTTGAACGATATAGACACGAACATAACATGTT
 GACACCTGGTGATAATTCATCGCCAGCTTCACGAGTAAAGATTTTACATCAT
 GAACGATACCGCCGCCACCGTGAGGTACACGGAGAGACGTATCACGAACTTC
 GCGGGCTTTTTCCCGGAAGATTGCGTGTAATAAACGTTCTTCTGCAGATAATT
 15 CTGTGACCCCTTTAGGTGTGACTTTCCCAACTAGTAAGTCGCCATCTTGAACCT
 CAGCACCAATGCGGATAATCCCATTTTCGTCTAAGTCTTTCAACGCGTCTTCCC
 AACGTTTGGAATTTACGGGTATTTCTTCAGGTCA - 3'

SEQ.ID. n°31 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus avium* CIP 103019^T mesurant 570 paires de bases :

SEQ.ID. n°31 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Enterococcus avium* CIP 103019^T mesurant 570 paires de bases :
 5'- GTCCATCATAAAGAACGGTCTTAGCATCTGCTGCCATACGAGCTTCACGA
 ACTGTTTCCCAAACATCGCTATCTTGCGCACCATCGAAGACTGGTGTCGCAAC
 25 ATGGATACCTAGTTGGCGAGCCGCCATTCCCAAGTGTAATTCCAACACTTGTC
 CGATGTTTCATCCGAGATGGCACACCTAATGGGTTCACATGATATCAACTGGC
 GTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTTCTGGCATAATGCGAGAAACGA
 CCCCTTTATTTCCGTGACGGCCGGCCATTTTATCCCCTTCATGAATCTTACGTT
 TTTGCACGATGTACACGCGCACTAACATATTTACACCTGGAGATAATTCATCGC
 30 CTGCTTCACGAGTAAAGATCTTCACATCGTGAACGATCCCGCCGCCACCATGC
 GGTACACGAAGAGATGTATCACGAACTTCACGAGCCTTTTACCAAAGATCGC
 ATGCAACAAACGTTCTTCAGCTGATAATTCTGTTACCCCTTTAGGAGTGACTTT
 ACCAACTAATAAATCACCATCATGAACTTCAGCACCAATAC -3'

SEQ.ID. n°32 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Abiotrophia defectiva* CIP 103242^T mesurant 732 paires de bases :

5'- GAAGTTGTCATCAACCATGTGGGCCAACTTAATCATGTACATAACCCCAA
CAGAGACTTTACGGTCAAATGGTTCACCGGTTTCGACCATCATATAAGATAGTC
5 TTAGCGTCAGCTTCTAAGCCGGCTTCCTTAACTGTTTCCCAGACATCTTCTTCA
CTAGCACCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATCTTGATGCCCATTTTCGCGAGCAGC
CATCCCCAAGTGTAACCTCTAGGACTTGCCCGATGTTTCATACGGGATGGAACCC
CTAATGGGTTCAACATGATATCAACTGGGGTACCATCTGGTAAGAATGGCATA
TCTTCTTCCGGCATGATAAGGGAGACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGC
10 CATCTTATCCCCCTTCATTGATTTTACGTTTTTGTACGATGTAGACGCGGACTAG
CTTGTTGACACCTGGTGCCAATTCGTCGCCAGCTTCGCGGGGTAAAGATTTTAA
CGTCGTGGACAATCCCGCCCCCGCCGTGTGGCACACGCAAGGAAGTATCACG
TACTTCACGCGCCTTCTCACCGAAGATAGCATGGAGCAAGCGTTCTTCCGCAG
ACAACCTCGGTACACCTTTTGGTGTTACCTTACCAACTAAGATATCGCCGTCTT
15 TTAATTCCGCCCCGATACAGATAATCCCGTCTTGGTCTAAGTACTTGAGGGCA
TCTTCGGACACGTTTGGAATTTTCGCGTGTAATTTCTTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°33 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Gemella morbilorum* CIP 81.10^T mesurant 727 paires de bases :

20 5'- TGTCATCAACCATGTGTGCAAGTTTATCATGTACATTACCCCTACAGATAC
ACGGCTATCAAATGGCTCACCTGTACGTCCGTCATAAAGAACTGTCTTAGCAT
CTTTAGCCATTCCAGCTTCCGCAACTGTAGACCAAACATCTTCATCAGTAGCAC
CATCGAATACTGGTGTAGCTACGTGGATTCCAAGTTGTTTAGCAGCCATACCT
AAGTGTAGCTCTAATACTTGTCCAATGTTTCATACGAGATGGAACCCCAAGTGG
25 GTTTAACATTACGTCAACTGGTGTACCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCTT
CTGGTAAGATATTTGAGATAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTTTA
TCTCCTACACGAATTTTACGTTTTTGGACGATAAATACACGAACAAGTTCATTT
ACACCGTTAGGTAATTCAGCACCATCTTCACGTTTAAAGATTTTAACATCAGCA
ACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATGAAGTATCAGTACTTCTTTA
30 GATTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTTTTCTTCTGGAGTTTGTTCAGTT
AATCCTTTTCGGTGTAACCTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTTAACTTCAGCC
CCAATACGAATGATTCCTCGTGCACTAAGTTTCTAAGTGCAATTTTCACCCTAC
GTTTGGAATCTCACGAGTAATTTCTTCAGGTCA – 3'

SEQ.ID. n°34 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Gemella haemolysans* CIP 101126^T mesurant 726 paires de bases :

5'- TGTCATCAACCATGTGTGCAAGTTTAATCATGTACATTACCCCTACAGATA
CACGGCTATCAAATGGCTCACCTGTACGTCCGTCATAAAGAACTGTCTTAGCA
5 TCTTTAGCCATTCCAGCTTCCGCAACTGTAGACCAAACATCTTCATCAGTAGCA
CCATCGAATACTGGTGTAGCTACGTGGATTCCAAGTTGTTTAGCAGCCATACC
TAAGTGTAGCTCTAATACTTGTCCAATGTTTCATACGAGATGGAACCCCAAGTG
GGTTTAACATTACGTCAACTGGTGTACCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCT
TCTGGTAAGATATTTGAGATAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTTT
10 ATCTCCTACACGAATTTTACGTTTTTGGACGATAAATACACGAACAAGTTCATT
TACACCGTTAGGTAATTCAGCACCATCTTCACGTTTAAAGATTTTAACATCAGC
AACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATGAAGTATCACGTACTTCTTT
AGATTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTTTCTTCTGGAGTTTGTTCACT
TAATCCTTTTCGGTGTAACCTTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTTAACTTCAGC
15 CCCAATACGAATGATTCCTCGTGCATCTAAGTTTCTAAGTGCATTTTCACCTAC
GTTTGGAATCTCACGAGTATTCTTCAGGTCCA - 3'

SEQ.ID. n°35 : séquence partielle du gène *rpoB* chez *Granulicatella adjacens* CIP 103243^T mesurant 719 paires de bases :

20 5'- CATCAACCATGTGAGCAAGTTTGATCATGTACATAACCCCTACTGACACA
CGGTTATCGAATGGTTCCCCTGTACGTCCATCATATAGAATTGTTTTCGCATCA
CGAGCCATACCCGCTTCTGCAACAGTTCCCACATACGTCTTCATCTTGCGCACCA
TCGAATACTGGTGTGCGATGTAAATACCTAATTCACGAGCAGCCATCCCTAA
GTGTAACCTCTAACACTTGTCCGATGTTTCATACGTGAAGGTACCCCTAATGGGT
25 TTAACATGATGTCAACTGGTGTTCATCTGGTAAGAATGGCATATCTTCTTCC
GGCATAATACGGGAAACAACCCCTTTATTACCGTGACGTCCGGCCATCTTATC
CCCTTCATTGATTTTACGTTTTTGTACAATATATACACGAACTAATTTGTTTACG
CCAGGTGCTAATTCATCACCTGCTGCACGTGTGAATACACGTACATCACGGAC
AATACCGCCACCGCCGTGAGGTACACGTAGAGATGTGTACGAACCTTCACGA
30 GCTTTTTACCGAAGATTGCGTGTAAATAAACGTTCTCTGGTGATTGTTCTGTT
AACCCTTTAGGAGTTACTTTACCAACTAAGATGTCACCATCTTTAACTTCGGCA
CCGATACGAATAATTCCGTCTGCGTCTAGGTTCTTCAATGCGTCTTCCCAACGT
TTGGAATCTCACGAGTAATTCTTCAGG - 3'

Dans les séquences ci-dessus, le nucléotide M désigne A ou C, le nucléotide R désigne A ou G, le nucléotide W désigne A ou T, le nucléotide Y désigne C ou T et le nucléotide N désigne A, T, C ou G.

Dans les séquences ci-dessus, les références CIP se rapportent à des
 5 dépôts à la Collection Nationale de Culture des Microorganismes (CNCM) de l'Institut Pasteur à Paris (France).

Exemple 3. Identification en aveugle d'une collection de 20 souches
 bactériennes comprenant 10 souches de bactéries appartenant aux genres
 10 *Streptococcus* et genres apparentés.

Une collection de vingt souches appartenant aux espèces bactériennes
 suivantes: *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus sanguis*, *Granulicatella*
adjacens, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus faecalis*,
Gemella haemolysans, *Gemella morbillorum*, *Streptococcus equi*, *Streptococcus*
 15 *anginosus*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas oleovorans*, *Mycobacterium*
avium, *Bacillus cereus*, *Acinetobacter anitratus*, *Corynebacterium amycolatum*,
Klebsiella terrigena, *Pasteurella*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Staphylococcus*, a
 été codée de façon à réaliser une identification moléculaire en aveugle
 (l'expérimentateur ne connaissant pas a priori l'identité des souches) des
 20 souches selon le procédé décrit dans la présente demande de brevet.
 L'extraction des acides nucléiques ainsi que l'amplification du fragment du gène
rpoB ont été réalisées comme décrites dans l'exemple n°2 en incorporant des
 amorces consistant dans des mélanges de 4 oligonucléotides qui ont des
 séquences consistant dans les séquences SEQ ID N°6 (comme amorce 5')° et
 25 SEQ ID N°7 (comme amorce 3') avec N représentant l'inosine, dans une
 amplification PCR (Fig. 1). Le séquençage de ces 10 amplifiats a été réalisé en
 incorporant dans la réaction de séquençage les amorces SEQ ID N°6 et SEQ ID
 N°7 comme décrit dans l'exemple n°2 et la comparaison des séquences
 obtenues avec les séquences SEQ.ID n° 1 à 5 et 8 à 35 a permis d'identifier les
 30 dix souches amplifiées comme étant *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus*
sanguis, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*,
Enterococcus faecalis, *Gemella haemolysans*, *Gemella morbillorum*,
Streptococcus equi, *Streptococcus anginosus*. Le décodage de ces 10 souches

a montré 100% de concordance entre l'identification moléculaire selon le procédé faisant l'objet de la présente invention et l'identification établie antérieurement par les méthodes phénotypiques standard. Ce résultat illustre la spécificité du jeu d'amorces SEQ ID N°6/SEQ ID N° 7 utilisé pour ce travail.

5 Les autres bactéries choisies pour ce qu'elles sont fréquemment isolées dans les prélèvements cliniques humains ou animaux susceptibles de contenir également des bactéries du genre *Streptococcus*, n'ont pas été amplifiées, démontrant ainsi la spécificité des amorces utilisées pour le genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés dans les conditions d'utilisation pour
10 la détection des bactéries du genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés selon l'invention par rapport aux bactéries d'un autre genre.

Sur la figure 1 sont représentés les produits d'amplification PCR obtenus à partir de dix souches bactériennes codées, comportant 7 souches appartenant au genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés (colonnes 2, 3, 4, 7 -11)
15 et 3 souches bactériennes de genres bactériens autres que *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés (colonnes 5,6 et 12). Les colonnes 1 et 13 représentent le marqueur de poids moléculaire. Les produits d'amplification sont obtenus après incorporation des amorces SEQ ID N°6 et SEQ ID N° 7 décrits ci-dessus et sont visualisés par coloration au bromure d'éthidium après
20 électrophorèse sur un gel d'agarose.

REVENDEICATIONS

1. Gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence telle que
 5 décrite dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 10 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I, et

les séquences inverses et séquences complémentaires.

2. Gène *rpoB* d'une des bactéries *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus*, *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus mutans* et
 15 *Enterococcus faecalis* caractérisé en ce qu'il correspond à l'une des séquences telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 5, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- 20 - le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

3. Fragment d'un gène *rpoB* selon la revendication 1, caractérisé en
 25 ce qu'il consiste dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 30 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, ou G

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

REVENDEICATIONS

1. Gène ou fragment de gène *rpoB* d'une bactérie du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence telle que
 5 décrite dans les séquences SEQ.ID. n° 8 à 35 dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- 10 - le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I, et

les séquences inverses et séquences complémentaires.

2. Gène *rpoB* d'une des bactéries *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus equinus*, *Abiotrophia defectiva*, *Streptococcus mutans* et
 15 *Enterococcus faecalis* selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il correspond à l'une des séquences telles que décrites dans les séquences SEQ.ID. n° 1 à 5, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- 20 - le nucléotide R représente A ou G,
- le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, G ou I,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

25 3. Fragment d'un gène *rpoB* selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il consiste dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, dans lesquelles :

- le nucléotide K représente T ou G,
- le nucléotide M représente A ou C,
- le nucléotide R représente A ou G,
- 30 - le nucléotide W représente A ou T,
- le nucléotide Y représente C ou T,
- le nucléotide N représente A, T, C, ou G

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

4. Oligonucléotide caractérisé en ce qu'il comprend une séquence d'au moins 12, de préférence de 18 à 35, motifs nucléotidiques consécutifs incluse dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3', et

5 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

- N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,

- R représente A ou G,

- M représente A ou C, et

10 - Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

5. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence
15 encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G,

20 - Y représente C ou T,

- M représente A ou C, et

- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

6. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est
25 constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence de 18 à 35, de préférence encore au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',

30 dans laquelle :

- R représente A ou G,

- Y représente C ou T,

- M représente A ou C, et

4. Oligonucléotide caractérisé en ce qu'il comprend une séquence d'au moins 12, motifs nucléotidiques consécutifs incluse dans l'une des séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 suivantes :

- SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3', et

5 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans lesquelles :

- N représente l'inosine ou l'un des 4 nucléotides A, T, C ou G,

- R représente A ou G,

- M représente A ou C, et

10 - Y représente C ou T,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

5. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, inclus dans la séquence suivante :

15 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G,

- Y représente C ou T,

20 - M représente A ou C, et

- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

6. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides selon la revendication 4 de séquences différentes comprenant chacune au moins 18, de préférence au moins 20 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

25 - SEQ ID N° 6 : 5' AARYTNGGMCCTGAAGAAAT-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G,

30 - Y représente C ou T,

- M représente A ou C, et

- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

- N représente l'inosine,
et les séquences inverses et séquences complémentaires.

7. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est
constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides de séquences
différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de
préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans
la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

- R représente A ou G, et
- N représente A, T, C ou G,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

8. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est
constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides de séquences
différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence de 21 à 35, de
préférence encore au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans
la séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',
dans laquelle :

- R représente A ou G, et
- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

9. Mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 6 ou 8,
caractérisé en ce que lesdites séquences consistent dans les séquences
SEQ.ID. n° 6 et 7 dans lesquelles N représente l'inosine, et les séquences
inverses et séquences complémentaires.

10. Procédé de détection par identification moléculaire d'une bactérie
de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et dits 4 genres apparentés,
caractérisé en ce qu'on utilise :

- un gène ou fragment de gène *rpoB* selon l'une des revendications 1 à 3,
ou
- au moins un oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides selon l'une
des revendications 4 à 9.

7. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 16 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la

5 séquence suivante :

- SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G, et

- N représente A, T, C ou G,

10 et les séquences inverses et séquences complémentaires.

8. Mélange d'oligonucléotides, caractérisé en ce qu'il est constitué d'un mélange équimolaire de 4 oligonucléotides selon la revendication 4, de séquences différentes comprenant chacune au moins 21, de préférence au moins 23 motifs nucléotidiques consécutifs, incluses dans la séquence suivante :

15 - SEQ ID N°7: 5'-TGNARTTTTRTCATCAACCATGTG-3',

dans laquelle :

- R représente A ou G, et

- N représente l'inosine,

et les séquences inverses et séquences complémentaires.

20 9. Mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 6 ou 8, caractérisé en ce que lesdites séquences consistent dans les séquences SEQ.ID. n° 6 et 7 dans lesquelles N représente l'inosine, et les séquences inverses et séquences complémentaires.

25 10. Procédé de détection par identification moléculaire d'une bactérie de l'une des espèces du genre *Streptococcus* et des 4 genres apparentés *Enterococcus*, *Gemella*, *Abiotrophia* et *Granulicatella*, caractérisé en ce qu'on utilise :

- un gène ou fragment de gène *rpoB* selon l'une des revendications 1 à 3, ou

30 - au moins un oligonucléotide ou mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 4 à 9.

11. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on utilise :

- un fragment du gène *rpoB* de ladite bactérie selon la revendication 3, ou

11. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on utilise :
- un fragment du gène *rhoB* de ladite bactérie selon la revendication 3, ou
 - au moins un mélange d'oligonucléotides selon la revendication 9.

12. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce
 5 qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit
 mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9, avec un
 échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au
 moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et ses dits 4 genres
 10 apparentés, et

2- on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe
 d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de
 l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans
 l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

13. Procédé selon l'une des revendications 11 ou 12, caractérisé en ce
 15 qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact les amorces d'amplification comprenant desdits
 mélanges d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9 avec un
 échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au
 moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés,
 20 et avec :

- comme amorce 5', un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une
 séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°6, de préférence consistant dans
 ladite séquence SEQ ID N°6 complète, ou une dite séquence complémentaire
 25 selon l'une des revendications 5, 6 ou 9, et

- comme amorce 3' un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une
 séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°7, ou de préférence consistant
 dans ladite séquence SEQ ID N°7 complète ou une séquence complémentaire
 selon l'une des revendications 7, 8 ou 9..

2- on réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de
 polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence d'un
 produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans
 l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

- au moins un mélange d'oligonucléotides selon la revendication 9.

12. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact au moins une sonde de genre comprenant un dit
5 mélange d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9, avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et ses dits 4 genres apparentés, et

2- on détermine la formation ou l'absence de formation d'un complexe
10 d'hybridation entre ladite sonde de genre et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

13. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes dans lesquelles :

1- on met en contact les amorces d'amplification comprenant desdits
15 mélanges d'oligonucléotides selon l'une des revendications 5 à 9 avec un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés, et avec :

20 - comme amorce 5', un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°6, de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID N°6 complète, ou une dite séquence complémentaire selon l'une des revendications 5, 6 ou 9, et

25 - comme amorce 3' un dit mélange d'oligonucléotides comprenant une séquence incluse dans la séquence SEQ.ID. n°7, ou de préférence consistant dans ladite séquence SEQ ID N°7 complète ou une séquence complémentaire selon l'une des revendications 7, 8 ou 9..

2- on réalise une amplification d'acides nucléiques par réaction de polymérisation enzymatique et on détermine l'apparition ou l'absence d'un
30 produit d'amplification, et on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si un produit d'amplification est apparu.

14. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du groupe *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

Streptococcus mutans, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
5 *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficilis*,
Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
10 *Streptococcus alactolyticus*, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus*
macedonicus, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella*
adjacens, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus*
casseliflavus, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus*
gallinarum, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella*
15 *morbilorum*.

procédé dans lequel :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde d'espèce consistant dans un gène ou fragment de gène selon l'une des revendications 1 à 3, de préférence un oligonucléotide consistant respectivement
20 dans l'une desdites séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, selon la revendication 3, les séquences inverses et séquences complémentaires, et

2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi
25 la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

15. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

30 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
Streptococcus pyogenes, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficilis*,

14. Procédé selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter spécifiquement une espèce donnée d'une bactérie du groupe *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

Streptococcus mutans, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
 5 *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficilis*,
Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
 10 *Streptococcus alactolyticus*, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus macedonicus*, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella morbillorum*.
 15

procédé dans lequel :

1- on met en contact un échantillon contenant ou susceptible de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie, avec au moins une sonde d'espèce consistant dans un gène ou fragment de gène selon l'une des
 20 revendications 1 à 3, de préférence un oligonucléotide consistant respectivement dans l'une desdites séquences SEQ.ID. n° 8 à 35, selon la revendication 3, les séquences inverses et séquences complémentaires, et

2- on détermine la formation ou l'absence d'un complexe d'hybridation entre ladite sonde et les acides nucléiques de l'échantillon, et on détermine ainsi
 25 la présence de ladite bactérie dans l'échantillon s'il y a formation d'un complexe d'hybridation.

15. Procédé selon l'une des revendications 10 ou 11, caractérisé en ce qu'on cherche à détecter une espèce donnée d'une bactérie du genre *Streptococcus* et lesdits 4 genres apparentés choisie parmi les espèces :

30 *Streptococcus mutans*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus pneumoniae*,
Streptococcus pyogenes, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis*,
Streptococcus suis, *Streptococcus acidominimus*, *Streptococcus agalactiae*,
Streptococcus anginosus, *Streptococcus constellatus*, *Streptococcus difficilis*,

Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
Streptococcus alactolyticus, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus*
macedonicus, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella*
5 *adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus*
casseliflavus, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus*
gallinarum, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella*
morbillorum, procédé dans lequel, dans un échantillon contenant ou susceptible
de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre
10 *Staphylococcus*, on effectue les étapes dans lesquelles :

a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB*
amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amorces nucléotidiques
consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides comprenant des séquences
incluses dans la séquence SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5' et SEQ.ID.n° 7
15 comme amorce 3', de préférence des séquences consistant dans lesdites
séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et lesdites séquences complémentaires, et

b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite
bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du
gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène
20 *rpoB* de ladite bactérie comprenant respectivement lesdites séquences n° 8 à 35
selon l'une des revendications 1 à 3 et séquences complémentaires, et on
détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si la séquence
du fragment obtenue est identique à la séquence connue du gène ou du
fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

25 16 Trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'une des
revendications 10 à 151, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un dit
oligonucléotide, mélange d'oligonucléotides, ou fragment de gène selon l'une
des revendications 1 à 9.

Streptococcus dysgalactiae, *Streptococcus equi*, *Streptococcus equinus*,
Streptococcus intermedius, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus bovis*,
Streptococcus alactolyticus, *Streptococcus gallolyticus*, *Streptococcus*
macedonicus, *Streptococcus infantarius*, *Streptococcus hominis*, *Granulicatella*
5 *adjacens*, *Abiotrophia defectiva*, *Enterococcus avium*, *Enterococcus*
casseliflavus, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus*
gallinarum, *Enterococcus sacharolyticus*, *Gemella haemolysans* et *Gemella*
morbilorum, procédé dans lequel, dans un échantillon contenant ou susceptible
de contenir des acides nucléiques d'au moins une telle bactérie du genre
10 *Staphylococcus*, on effectue les étapes dans lesquelles :

a) on réalise une réaction de séquençage d'un fragment du gène *rpoB*
amplifié d'une dite bactérie donnée à l'aide des amorces nucléotidiques
consistant dans desdits mélanges d'oligonucléotides selon l'une des
revendications 5 à 9 comprenant des séquences incluses dans la séquence
15 SEQ.ID. n° 6 comme amorce 5' et SEQ.ID. n° 7 comme amorce 3', de préférence
des séquences consistant dans lesdites séquences SEQ.ID. n° 6 et 7, et lesdites
séquences complémentaires, et

b) on détermine la présence ou l'absence de l'espèce donnée de ladite
bactérie en comparant la séquence dudit fragment obtenu avec la séquence du
20 gène complet *rpoB* de ladite bactérie ou la séquence d'un fragment du gène
rpoB de ladite bactérie comprenant respectivement lesdites séquences SEQ ID
n° 8 à 35 selon l'une des revendications 1 à 3 et séquences complémentaires, et
on détermine ainsi la présence de ladite bactérie dans l'échantillon si la
séquence du fragment obtenue est identique à la séquence connue du gène ou
25 du fragment de gène *rpoB* de ladite bactérie.

16 Trousse de diagnostic utile dans un procédé selon l'une des
revendications 10 à 15, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un dit
oligonucléotide, mélange d'oligonucléotides, ou fragment de gène selon l'une
des revendications 1 à 9.

1/1

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13

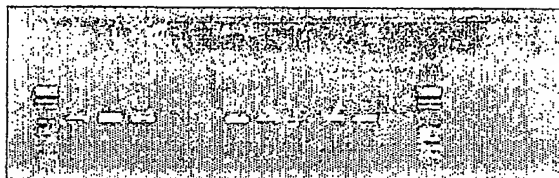


FIG. 1

LISTE DE SEQUENCES

<110> Université de la Méditerranée (Aix-Marseille II) et
Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS

<120> Identification moléculaire des bactéries du genre
Streptococcus

<130> H52437 cas 10

<140>

<141>

<160> 85

<210> 1

<211> 4495

<212> ADN

<213> *Streptococcus anginosus*

<400> 1

TCATACTTTTAGAGTCAGATTTAGCTGCTCTTTTGTGCCTGTTTTGGGATTTTTGTGCGTTTGTGCATCAAAATTA
AAGATTCTGAAAATTACTCAAAAAGGATAAAATGAAAATTGCTACTCTATTCCATTAAATAGAGAATGTAGAAAGAA
GAAGGAGTAAAAAACTTGGCAGGACATGAAGTTCAAATACGGGAAACACCGTACTCGTCTAGTTTTTCAAGAATC
AAGGAAGTTCCTTGATTTACCAAATTTGATTGAAATCCAGANGGATTCGTTCAAAGATTTTCTTGACCATGGTTTG
AAAGAAGTATTTGAAGATGTACTTCTATCTCAAACCTTACAGATACAATGGAGCTAGAGTTTGTGGTTATGAA
ATTAAAGGATCTAAATACACTTTAGAAGAAGCACGTATCCATGATGCCAGCTATTCTGCACCTATTTTTGTGACT
TTCCGTTTGATTAATAAAGAACTGGTGAAATCAAAACCCAAGAAGTGTCTTTGGCGATTTCCCAATCATGACA
GAAATGGGAACCTTCATTATCAATGGTGCTGAGCGGATTATCGTATCTCAGCTCGTTCTCCAGGTGTTTAC
TTCAACGATAAAGTARACAAAAATGGTAAAGTTGGTTATGGTTCAACTGYCATTCTTAACCGTGGAGCTTGGTTA
GAGCTGGAAACAGACTCAAAAGATATTGCTTATACTCGGATTGACCGTACTCGTAAGATTCCGTTTACGACACTT
GTTCTGTCGCTTGGTTTTCTGGCGATGATGAAATCTTTGACATTTTCGGCGACAGCGATCTCGTTTCGCAACACG
ATTGAAAAGGATATTATCAAAAAATCCAATGGATTACGTTACGATGAAGCGCTTAAAGAAATCTATGAACGCTCTT
CGTCCAGGTGAGCCTAAACAGCTGATAGTTTACGTTAGTCTATTGGTCTGCTCGTTTCTTTGATCCACATCGTTAC
GACTTGGCGGCAGTTGGTCTGTTATAAAATCAATAAAAAATTAACATTAAACACGTTTGTAAATCAAACGATT
GCAGAGCCTTTGGTAGATCCAGAAACAGGTGAAATCTTGGTTGAAGCTGGAACGGTTATGACGCGTAGTGTTCATT
GATAGCATTGCAGAATACTTGGACGGTGATTTGAATAAAATCACTTATATTCCAAATGATGCAGCTGTGTTAACA
GAGCCAGTTGTTCTTCAAAAATTCAAAGTGGTGGCGCCAACCTGATCCAGATCGTGTGGTGACTATTATTGGTAAT
GCCAACCCAGGAGATCGAGTTTATACGATTACGCCAGCAGATATTTGGCTGAGATGAATTACTTCTTGAACCTC
GCTGAAGGACTTGGTCTGTGGACGATATTGACCATTGGGAAATCGTCGGATTTCGTGCCGTTGGTGAATTGCTT
GCTAACCAAGTACGTTCTGGCTTGTCTCGTATGGAGCGAAACGTTTCGGGAGCGCATGAGTGTGCAAGATAATGAA
GTGTTGACACCGCAACAAATCATTAACATCCGCCAGTCACAGCAGCTATCAAAGAATTCCTTGGTTTCTCTCAA
TTGTCTCAATTTATGGACCAACATAATCCACTGTCTGARTTGTCTCACAAACGYCGTTTGTCCGCCCTTGGGACCT
GGTGGTTTGTACTCGTGAYCGTGCTGGATATGAARGTGCCTGACGTGCACTACACNCACTATGGTCTGATGTGTCC
GATTGAAACNCCTGAVGGACCAACATCGGTTTGATCAAYAACCTGTCTTCTTATGGTCANTTGAATAAATATGG
CTTTATCCAAACGCCGTATCGTAAAGTGRATCGTGAACAGGTCTGGTCACHAATGAAATCGTTTGGTTGACAGC
GGANGAAGAAGATGAATTTATTGTAGCGCAAGCAAATTCATAATTAAACAGAAGATGGTCTGTTTGCAGAAGCGAT
TGTCATGGGACGTCACCAAGGGAACAACCAAGAATTTCTTCAGATCARGTRGATTTTCATGGATGTGTGCGCTAA
GCAGGTAGTTGCCGTTGCGACAGCATGTANTCCNKTTCYTGAAAAYGNACGACTCAARCCNTGNTSTCATGGGT
GCCAACATGCAACGTCAAGCSGTACCGTTGATTGATCCGCATGCACCATAYGYWGGTANATGGTATGGAATACCA
AGCAGANTSAYGAMTCTGGTGGCGCTGATTANTGCMCAACACGACGGTAAAGTTGTMTATTYTGATGCAGCCAAA
GTTGAAGTTTCGTCTGAGATGGCTCACTTGTATGTNTATCATAGNTGACGAAATTCGCCCGTTNAAACTGSTGG
TACGTTGMTTACAACACAACGTAGCGGSTGGTAAAAGATTGGCGATACAGNTGTAAAAGGTGTASTTTATCGCA
GACGGACCTTCTATGGAAAAAGGTGAAATGGCRCTTGGACAAAAYCCAATCGTTGCTTATATGACATGGGAAGGT
TACAACCTTTGAAGATGCCGTTATCATGAGTGAGCGHTTAGTGAAAGACGATGTTTACACATCTGTTCACTTGGAG
GAATTGCAATCAGAAACACGTGATACWAAGCTTAGGMCTGAAGAAATCACKCGCGAAATTCAAACGTYGGTGA
AGATGCCNTTYGASAGACCTTGGACGAAAYGGGRATTATACCGYATTGGTGCYARGTTAAAGAGGGCGCATTC
TTGTTGGTAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAGATCTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTTGCACGCAATCTTCGGTG

SEQUENCE LISTING

<110> UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II) et CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS
UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II) et CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS

<120> Identification moléculaire des bactéries du genre Streptococcus

<130> H52 437 cas 10

<160> 52

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 4523

<212> DNA

<213> Streptococcus anginosus

<220>

<221> misc_feature

<222> (266)..(2087)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<220>

<221> misc_feature

<222> (266)..(4430)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<220>

<221> misc_feature

<222> (4430)..(4503)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 1

tcatactttt	agagtcagat	ttagctgctc	tttttgtgcc	tgttttggga	tttttgtcgt	60
ttgtcatcaa	aattaaagat	tctgaaaatt	actcaaaaag	gataaatgaa	aattgctact	120
ctattccatt	aatagagaat	gtagaaagaa	gaaggagtaa	aaaacttggc	aggacatgaa	180
gttcaatacg	ggaaacaccg	tactcgctcg	agtttttcaa	gaatcaagga	agttcttgat	240
ttaccaaatt	tgattgaaat	ccaganggat	tcgttcaaag	attttcttga	ccatgggttg	300
aaagaagtat	ttgaagatgt	acttctctat	tcaaacttta	cagatacaat	ggagctagag	360
tttgttggtt	atgaaattaa	aggatctaaa	tacacttttag	aagaagcacg	tatccatgat	420
gccagctatt	ctgcacctat	ttttgtgact	ttccgtttga	ttaataaaga	aactgggtgaa	480
atcaaaaacc	aagaagtgtt	ctttggcgat	ttcccaatca	tgacagaaat	gggaactttc	540
attatcaatg	gtggtgagcg	gattatcgta	tctcagctcg	ttcgttctcc	aggtgtttac	600
ttcaacgata	aagtaracaa	aaatggtaaa	gttgggttatg	gttcaactgy	cattcctaac	660
cgtggagctt	ggttagagct	ggaaacagac	tcaaaagata	ttgcttatac	tcggattgac	720
cgtactcgta	agattccggt	tacgacactt	gttcgtgcgc	ttgggttttc	tggcgatgat	780
gaaatctttg	acatttttcgg	cgacagcgat	ctcgttcgca	acacgattga	aaaggatatt	840
cataaaaatc	caatggattc	acgtacggat	gaagcgctta	aagaaatcta	tgaacgtctt	900
cgtccagggtg	agcctaaaac	agctgatagt	tcacgtagtc	tattggctcg	tcgtttcttt	960
gatccacatc	gttacgactt	ggcggcagtt	ggctggtata	aaatcaataa	aaaattaaac	1020
attaaaacac	gtttgttaaa	tcaaacgatt	gcagagcctt	tggtagatcc	agaaacaggt	1080
gaaatcttgg	ttgaagctgg	aacggttatg	acgcgtagtg	tcattgatag	cattgcagaa	1140
tacttggacg	gtgatttgaa	taaaatcact	tatattccaa	atgatgcagc	tgtgttaaca	1200
gagccagttg	ttcttcaaaa	attcaaagtg	gtggcgccaa	ctgatccaga	tcgtgtggtg	1260
actattattg	gtaatgccaa	ccaggagat	cgagttcata	cgattacgcc	agcagatatt	1320
ttggctgaga	tgaattactt	cttgaacctc	gctgaaggac	ttggctcggt	ggacgatatt	1380
gaccacttgg	gaaatcgctg	gattcggtgc	gttgggtgaat	tgcttgctaa	ccaagtacgt	1440
cttggcttgt	ctcgtatgga	gcgaaacgtt	cgggagcgca	tgagtgtgca	agataatgaa	1500

ACAAGTCACGTCGAAGTACCGTGTATGATCTCYCTCTCGTGTACCCWCAAYGGTGSYGCATGGKGYYGYTYCGTGATGTGAAA
ATCTTTWACTCGTGCSCAACGGTGATGAATTTGCAATCWWGGTGTCAACATGTTGGTACGTGTTWCACNTCGCTCAAAA
ACGKAARAYCAMGTGTYGGRGATAAGATGGCYGGWCGTCACGGAAAACAAAGGGGTTGTTTTCCCGCATTTGTTCCAG
TTGAGGATATGCCGTATCTTCCAGATGGAACACCAGTTGATATTATGTTGAACCCACTTGGGGTGCCATCTCGTA
TGAATATTGGTCAAGTTATGGAGCTTCACCTCGGTATGGCTGCTCGCAACCTTTGGCATTACATTGCAACACCAG
TATTTGACGGGGCTAGCTCAGATGATCTTTGGGAAACCGTTCGTGAAGCTGGCATGGATAGCGATGCTAAGACAA
TCCTTTATGATGGCCGTACTGGTGAGCCATTTGATAATCGTGTATCCGTTGGTGTGTCATGTACATGATCAAACCTCC
ACCATATGGTTGATGATAAGCTCCATGCCCCGTTCCGTTGGTCCCTTATTCAACCGTTACGCAACAACCTCTTGGTG
GTAAAGCGCAGTTTGGTGGACAACGTTTTTGAGAAATGGAAGTTTGGGCTCTTGAAGCCTACGGTGCTTCTAAACG
TCCTTCAAGAAATCTTGACTTACAAGTCAGATGACATCAATGGTCGTTTGGAGAGCTTATGAAGCCATTACCAAAG
GTAAGCCAATTCCAAAACAGGTGTTCCAGAATCCTTCCGTGTCCTTGTAAAGAATTTGCAATCACTTGGTCTTGTG
ACATGCGTGTCTCTTGATGAAGACGACAATGAAGTCGAACCTTCGTGACTTGGACGAAGGCATGGATGGATGATGTGA
TTCATGTAGACGATCTTGAAAAGACGTCGTAAGGACGAGCACAAGAAGCAAAAGCCGCTTTTGATGCTGAAGGGA
AAGAATAAGAAGCTGATTTCAATAGATAATAAAGAAAGGTAAGAAATAGTGGTTGATGTAAATCGTTTTCAAAGTAT
GCAAAATCACCCTAGCTTCTCCTAGTAAAGTCCGCTCTTGGTCTTATGGAGAAGTGAAGAAACCTGAAACAATTAA
CTACCGCACACTAAAACGAGAACGCGAAGGGCTTTTTTGATGAAGTCATCTTTGGTCTTACGAAAGACTGGGAATG
TGCGTGTGGAAAATATAAACGGATTTCGTTATAAAGGAATCATTTGTGACCGTTGTGGTGTGGAAGTAACCTCGTAC
TAAAGTTCGTCGTGAACGTATGGGACATATTGAGTTGAAAGCCCCAGTCTCCTCATATTTGGTATTTTAAAGGAA
TTCCAANTCGCATGGGCNTGACCTTGGACATGAGCCCTCGTGCTCTTGAAGAAGTCATNTANTTTGCAGCTTATG
TGGTGANTGACCCATAAGATACNCCACTTGAGCACAATCCATTATGACAGAGCGGGATGGTTTNGTGAACGCTGA
CNTGAATATGGCCAAGGCTCTTTTGTGCAAAAATGGGTGYTGAAGCAATCCAAGATCTMNTGAAAACANGTAGAC
NTGGAAAAAGAAATTTTCAGAGTCTCAAAGATGAATTA AAAACGGCAAGTGGGCAAAAAGCGCGTAAMGCTAANTTC
GTCGNTNNGACTCTTTTCAGTNCCTTTCCAAAATCATGGTACACAAAACAGAACTGGATGGTCTTAAACCATCN
NTNTCACCGCTCATTTCCAGACAC

```
<210> 2
<211> 4116
<212> ADN
<213> Streptococcus equinus
```

<400> 2

CACGCTGGTGCAGCGGCCGGGCTGGTGAATTGTCTATAAGTTGTGTAGTAGTAAATTCCCTTATCAGTGTGTGATG
CATGAGCTATAAATAGTGTACTCATATTTGCCACTTTCATCGACATAGCAAAGTCCCTTTTGTGTTC AACCGGAT
TTTAAATGTGGAAGAATTGATTAACACTGCTTTCTTCTGTTTCTTCAGCCACAGAATTTAATTTTGTATAAAGTA
ACTTTTACATAACGTGACATTGATGATAAATCACCAGGCAAGCCAAGTCCACCCATGCCACGGCTATAAGTTTCA
AGTTCTAACTCTTTAGCAAAACGATTTTCTGAAACCTTTGGAGATAGATGACGATAGTTATTCAAATTTGAATAAT
TGTTTATCAAAAGTTGGATTATTAGTCAAAACACCTGTTGAGTATTTCGTAAACTTATAGGGCAGCGGTGGTTCGA
CGGCCCGGGCTGGTAAAGACTTCTTGGATAACCGGATTAAAGAAAGTTTGTGAAGATGTACTTCCGATTACAAACT
TTACGGATACTATTGGAGCTTGAATTTGTTGGTTACGAATGAAAGAGCCTTAAGTATACGCTTGAAGAAGCTCGTA
TCCACGATGCATCTTATTTCAGCACCTATTTTGTAAACCTTCCGTTTGATTAAATAAAGAAACAGGAGAAATCAAAA
CTCAAGAAGTTTCTTCGGTGATTTCCCAATTATGACTGAAATGGGTACATTTCATCATCAACGGTGGTGAACGTA
TTATCGTTTCTCAGTTGGTTTCGTTCTCCTGGTGTTTATTTCAACGATAAAGTTGATAAAAACGGTAAAGTTGGTT
ACGGTTCAACTGTAATCCCTAACCGTGGAGCATGGCTTGAATTAGAAACAGATTCAAAGATATTGCCTTACACAC
GTATCGACCGTACACGTAAAAATCCATTTACAACTCTTGTACGTGCGCTTGGTTTCTCAGGTGATGATGAAATCA
TGGATATCTTTGGTGATAGCGAACTTGTTCGTAACCAACTCGAAAAGATATTCACAAAACCCAGCAGACTCAC
GTACTGACGAAGCTCTTAAAGAAATTTACGAACGCCTTCTGCTCAGGTGAACCAAAAACGCTGATAGCTCACGTA
GCTTGCTTGTAGCTCGTTCTTTGACCCACGCTCGTTATGACTTGGCAGCTGTTGGTTCGTTACAAAATCAACAAAA
AACTTAACATCAAGACTCGCTCTTTTGAACCAACAATCGCTGAAAACCTTGGTTGATGCTGAAACTGGTGAAATCC
TTGTTGAAGCTGGTACAGTAATGACACGTGACGTGATTGATTCAATCGCTGATCAATTGGATGGTGACCTTAACA
AATTTGTTTACACACCAAATGATTACGCTGTTGTCACCTGAACCTGTTGTTCTTCAAAAATTCAAAGTTGTTGCAC
CAAACGATCCAGACCGCGTTGTTACAATCGTTGGTAACGCAAATCCTGATGACAAAGCGCGTGCGCTTACACCAG
CTGATATCTTTGGCAGAAATGTCTTACTTCCTTAACCTTGCTGAAGGTCTAGGTAAAGTTGATGATATCGACCACC
TTGGGAATCGTCGTATTTCGTGCCGTTGGTGAATTGCTTGCTAACCATTCCGATTTGGTCTTCGTATGGAAC
GTAACGTCGCGGAACGTATGTCAGTTCAAGACAACGAAGTGTGACACCACAACAAATCATCAACATTTCGTCCTG
TTACTGTCAGCCGTTAAAGAAATTTCCGGTTTCATCTCAATTGTCTACAGTTTCATGGACCAACACAACCCACTTTCTG
AGTTGTCTCAACAACTCGTTTGTTCAGCCTTAGGACCTGGTGGTTTGAAGTTCGTCGACCGTGCTGGTTATGAAGTTC

gtgttgacac	cgcaacaaat	cattaacatc	cgcccagtc	cagcagctat	caaagaattc	1560
tttggttcat	ctcaattgtc	tcaattttatg	gaccaacata	atccactgtc	tgartttgtct	1620
cacaaacgyc	gtttgtccgc	cttggggacct	ggtgggtttga	ctcgtgaycg	tgctggatat	1680
gaargtgctg	gacgtgcact	acacncacta	tggctcgtatg	tgtccgattg	aaacncctga	1740
vggaccaaaac	atcggtttga	tcaayaacttt	gtcttcttat	ggtcanttga	ataaatatgg	1800
ctttatccaa	acgccgtatc	gtaaaagtgra	tcgtagaaaca	ggtctggtca	chaatgaaat	1860
cgtttggttg	acagcggang	aagaagatga	atttattgta	gcgcaagcaa	attctaaatt	1920
aacagaagat	ggtcgttttg	cagaagcgat	tgtcatggga	cgtcaccaag	ggaacaacca	1980
agaattttcct	tcagatcarg	trgattttcat	ggatgtgtcg	cctaagcagg	tagttgccgt	2040
tgcgacagca	tgtantccnk	ttccytgaaa	aygnacgact	caarccntgn	tstcatgggt	2100
gccaacatgc	aacgtcaagc	sgtaccgttg	attgatccgc	atgcaccata	ygywgggtana	2160
tggtatggaa	taccaagcag	antsaygamt	ctggtgcggc	tgattantgc	mcaacacgac	2220
ggtaaaagttg	tmtatttyga	tgacagccaaa	ggtgaagtgc	gtcgtgaaga	tggtctactt	2280
gtatgtntat	catagntgac	gaaattccgc	ggttnaaact	gstggtagct	tgmttacaac	2340
acaacgtagc	ggstggtaaa	agattggcga	tacagntgta	aaaaggtgta	stttatcgca	2400
gacggacctt	ctatggaaaa	aggtgaaatg	gcrcttggac	aaaayccaat	cggttgcctt	2460
atgacatggg	aagggtacaa	ctttgaagat	gccgttatca	tgagtgaagc	hhtagtgaaa	2520
gacgatgttt	acacatctgt	tcacttggag	gaattcgaat	cagaaacacg	tgatacwaag	2580
cttagmccct	gaagaaatca	ckcgcgaaat	tccaaacgty	ggtgaagatg	ccnttygasa	2640
gaccttggac	gaaaygggra	ttataccgya	ttggtgcyga	rgttaaagag	ggcgacattc	2700
ttgttggtaa	agtcacacca	aaaggtgaaa	aagatctttc	tgctgaagag	cgctctctgc	2760
acgcaatctt	cggtgacaag	tcacgtgaag	tacgtgatac	ytctcttctg	gtaccwcayg	2820
gtgsygcag	gkgyygytyc	tgatgtgaaa	atcttwactc	gtgcsaacgg	tgatgaattg	2880
caatcwggtg	tcaacatggt	ggtacgtggt	wcacntcgct	caaaaacgka	araycamgtg	2940
tyggrgataa	gatggcyggw	cgtcacggaa	acaaaggggt	tgtttcccg	attgttccag	3000
ttgaggatat	gccgtatctt	ccagatggaa	caccagttga	tattatgttg	aaccacttg	3060
gggtgccatc	tcgtatgaat	attgggtcaag	ttatggagct	tcacctcggt	atggctgctc	3120
gcaaccttgg	cattcacatt	gcaacaccag	tatttgacgg	ggctagctca	gatgatcttt	3180
gggaaaccgt	tcgtgaagct	ggcatggata	gcgatgctaa	gacaatcctt	tatgatggcc	3240
gtactggtga	gccattttgat	aatcgtgtat	ccgttgggtg	catgtacatg	atcaaacctc	3300
accatatggt	tgatgataag	ctccatgccc	gttccgttgg	tccttattca	accgttacgc	3360
aacaacctct	tggtggtaaa	gcgcagtttg	gtggacaacg	ttttggagaa	atggaagttt	3420
gggtctcttga	agcctacggg	gcttctaacg	tccttcaaga	aatcttgact	tacaagtcag	3480
atgacatcaa	tggtcgtttg	agagcttatg	aagccattac	caaaggtaag	ccaattccaa	3540
aaccaggtgt	tccagaatcc	ttccgtgtcc	ttgtaaaaga	attgcaatca	cttggctctg	3600
acatgcgtgt	ccttgatgaa	gacgacaatg	aagtcgaact	tcgtgacttg	gacgaaggca	3660
tggtatgatga	tgtgattcat	gtagacgatc	ttgaaaaagc	acgtgaaaaa	gcagcacaa	3720
aagcaaaaagc	cgctttttgat	gctgaaggga	aagaataaga	actgattcaa	tagataataa	3780
agaaagtgaa	gaaatagttg	ttgatgtaaa	tcgtttttcaa	agtatgcaaa	tcaccctagc	3840
ttctcctagt	aaagtccgct	cttggcttta	tggaagaagt	aagaaacctg	aaacaattaa	3900
ctaccgcaca	ctaaaaccag	aacgcgaagg	gctttttgat	gaagtcattc	ttggctcctac	3960
gaaagactgg	gaatgtgcgt	gtggaaaata	taaacygatt	cggtataaa	gaatcatttg	4020
tgaccgttgt	ggtgttgaa	taactcgtac	taaagttcgt	cgtgaacgta	tgggacatat	4080
tgagttgaaa	gccccagctc	cctcatatct	ggtattttta	aggaattcca	antcgcagtg	4140
gcntgacctt	ggacatgagc	cctcgtgctc	ttgaagaagt	catntanttt	gcagcttatg	4200
tggtgantga	ccctaaagat	acnccacttg	agcacaaaatc	cattatgaca	gagcgggatg	4260
gttngtgaac	gctgacntga	atatggccaa	ggctcttttg	ttgcaaaaat	gggtgytgaa	4320
gcaatccaag	atctnntgaa	acangtagac	ntggaaaaag	aaattgcaga	gctcaaagat	4380
gaattaaaaa	cggaagtg	gcaaaagcgc	gtaaaamgcta	anttcgtcgn	tnngactctt	4440
ttcgatnctt	tccaaaaatc	atggtacaca	aaaccagaac	tggtatggtct	taaaccatcn	4500
ntntcaccgc	tcattccaga	cac				4523

<210> 2
 <211> 4118
 <212> DNA
 <213> Streptococcus equinus

<400> 2						
cacgcgtggt	cgacggcccg	ggctgggtgaa	ttgtcataag	ttgtgtagta	gtaaattccc	60
ttatcagtg	tgatgcagta	gctataaata	gtgtactcat	atttgccact	ttcatcgaca	120
tagcaaagtc	ctttttgttg	ttcaacggat	tttaaaatgt	ggaagaattg	attaacactg	180

GTGACGTGCACTACACTCACTATGGTCGTATGTGTCCGATTGAAACTCCTGAAGGACCTAACATCGGTTTGATCA
ATAACTTGTCAACATACGGACACCTTAATAAATATGGTTTCATCCAAACACCATATCGTAAAGTTGACCGCGCTA
CAGGTGTGATTACAAACGAAATCGTTTGGTTGACTGCCGATGAAGAAGATGAATACACAGTAGCACAGGCTAACT
CAAACTTAACGAAGATGGAACATTTGCTGAAGACATCGTTATGGGACGTCACCAAGGTAATAACCAAGAGTTCC
CAGCAAGCGTTGTTGACTTCGTAGACGTTTACCTAAACAAGTAGTTGCCGTTGCGACAGCATGTATTCCCTTCC
TTGAAAACGATGACTCTAACCGTGCCCTTATGGGTGCCAACATGCAACGTCACGCTCAGGTGCTGCAGTTATCGCTAAACACG
ACGCACCATATGTTGGTACTCTCTGATGCTGAAAAAGTTGAAGTTCGTCGCGAAGATGGTTCACTTGATGTTTACCACA
TTACTAAATTCGCTCGTTCTAACTCAGGTACAGCTTATAACCAACATACACTTGTAAAGTTGGCGATATCGTTG
AAAAAGGTGACTTCATCGCTGATGGTCCTTCAATGAAAAAGGTGAAATGGCCCTTGGTCAAAACCCAATCGTCCG
CTTACATGACKTGGAAGGTTACAACTTCGAGGATGCGGTTATCATGTCTGAACGCCTTGTGAAAGATGATGTCT
ATACATCTGTTCACTTGGAAGAATACGAATCAGAAACACGTGATACTAAGTTAGGCCCTGAAGAAATCACTCGCG
AAATTCCAAACGTTGGTGAAGATGCCCTTCGCAACTTGGACGAAATGGGGATTATCCGTATTGGTGCCGAAGTTA
AAGAGGGCGACATTCTTGTGGTAAAGTCACACCAAAAGGTGAAAAAGATCTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTTGC
ACGCAATCTTCGGTGACAAGTCACGTGAAGTACGTGATACCTCTCTTCTGCTGTACCTCAGGTTGCCGATGGTGTG
TTCGTGATGTGAAAAATCTTTACTCGTGCCCAACGGTGATGAATTGCAATCAGGTGTTAATCATGTTGGTTCGTGTTT
CACATCGCTCAAAAACGTAAGATCAAGGTCCGAGATAAGATGGCCGGTTCGTCCACGGTAACAAGGGTGTCTGTTT
ACGTAYWGTACCTGTTGAGGATATGCCATATCTTCCAGATGGAACACCAGYTGACAWCATGTTGAACCCACTSGG
GGTGCCATCWCATGAACATCGGACAAGTTATGGAGCTTCACCTTGGTATGGCTGCTCGTAACCTTGGTATTCA
CATTGCAACACCAGTCTTTGATGGGGCAACTTCTGAAGACCTTTGGGATACAGTTAACGAAGCTGGTATGGCTAG
CGACGCTAAGACAGTTCTTTACGATGGACGTACTGGTGAACCATTGATAACCGTGTGTCAGTTGGTGTCTATGTA
CATGATTAACTTCACCACATGGTTGATGATAAATTCACGCACGTTTCACTTGGTCTTACTCACTTGTACGCA
ACAACCTCTTGGTGGTAAAGCACAATTTGGTGGACAACGTTTCCGGTGAATGGAAGTTTGGGCTTTTGGAGCTTA
CGGTGCATCAAAATGTTCTTCAAGAAATCTTGACTTACAAATCAGATGATGTCAACGCTCGTCTTAAAGCTTATGA
AGCCATCCTAAGGTAAGGTAACCAATTCCAAACAGGTGTTCCAGAATCATTCCGAGTTCTTGTAAAAGAATTGCA
ATCACTTGGTCTTGACATGCGCGTGCTTGATGAAGATGACAATGAAGTAGAAGCTTCGTGATCTTGATGAAGGTGA
AGATGACGATGTTATGCACGTTGATGATCTTGAAAAAGCTCGTCAAAAACAAGAAGCAGAAGAAGCGGAAAAAGC
AGAAGTTTCTGCAGAAGAAAAACAATAATAGGAAAGAACATTGACATGAGAGAGGCAAGACCTGCTTCTCTTTC
GTCAGATTGTTTGATTGAGTCTTATAACGATAAATGATGTCTTACGAATCATGAATTTGTAAGTCATGACAGTTA
GAAAGTAGCGCAGCTATTTCAAAGTCATAAGAAGGTATCATGGTGACGTAATCGTTACAGCCGGCGTC

<210> 3

<211> 3392

<212> ADN

<213> Abiotrophia defectiva

<400> 3

ATATAGGGCACGCGTGGTCGACGGCCCGGGCTGGTCTTAAACAACATGTAACGTCACTCCGATG
AGTTGGTCTCTGTCTTTTTTTTTTTCGCTTCAAGAGCCGAAAAATGTCATTTGTCAACAATTAT
TAATAATTGTAACCTTAATGTAAAGTGGTGTCTTAGATTATATTTATAGGGGTGAATCGCTTGA
GTCATATCGTGAAATACGGTAAAAAGCTGAGCGTCGAAGCTATGCGCGTATCGACGAAGTCTT
AGAGTTGCCGAACCTTGATTGAAATCCAAACGGATTCTTACAAATGGTTCTTGGATGAAGGGCTA
AAAGTGATGTTTCGAGGACATTTTCGCCGATTGTGCGACCATTCGGAGAAGCTTGGAACTTCATTTTG
TAGACTATGAGTTCAAGGAAGCTAAGTATAGCTTAGAAGAAGCTCGTAGCCATGACGCTAACTA
CTCAAAACCAATCTATGTAACCTTGCGCCTGTTCAACAAAGAGACAGGTGAAGTCAAAGAACAA
GAAGTCTTCTTCGGGGACTTCCCAATCATGACCGAAATGGGGACCTTCATTATCAACGGGGCGG
AACGGGTTATCGTTTCCAGTTGGTACGTTCTCCAGGTGTCTACTTCCACGACCGTATGGACAA
GAAAGGCCGCCACAGCTATACTTCTACGGTTATTTCTTAACCGTGGGGCTTGGTTGGAATTTGAA
TCAGATGCTAAGGGGATTGCCTACGTCCGCATTGACCGGACCGGAAGATTCCATTGACTGTCT
TGATGCGTGCCTTAGGTTTGGTTCAGATGACGAGATTTATGATATCTTCGGCCAATCTGAGCT
CTTAGACTTAACTATCGAGAAGGATGTTCAAAAAACATTCAAGACTCTCGTACGGAAGAAGCC
TTGAAGGACATTTACGAGCGTCTCCGTCCAGGTGAACCTAAGACCGCAGAAAGCTCACGTAACC
TCTTGGTTGCGCGCTTCTTCGACCCACGTCGCTATGACTTAGCACCTGTAGGTCTGTATAAGAT
CAATAAAAAGCTCCACCTCAAGAACCCTTGGTTGGCTTGACTTTGGCTGAAACCTTGGTTAAC
CCAGAAACAGGCGAAGTGCTCTTTGAAGAAGGAACGGTCTTGGATCAAGAACGTGTTCAAGCCC
TGATTCCATACTTAGAGGCTGGCTTGAATAAGGTAACCCTCTATCCTTCTGAAGATAGTGTGGT

ctttcttctg	tttcttcagc	cacagaatth	aattttgtaa	aagtaacttt	tacataacgt	240
gacattgatg	ataaatcacc	aggcaagcca	agtccacca	tgccacggct	ataagtttca	300
agttctaact	cttttagcaaa	acgattttct	gaaacctttg	gagatagatg	acgatagtta	360
ttcaaattga	ataattgttt	atcaaaagtt	ggattattag	tcaaaacacc	tggttagtta	420
ttcgtaaact	tatagggcac	gcgtggctga	cggccccggc	tggtaaagac	ttcttggata	480
acggattaam	agaagttttt	gaagatgtac	ttccgattac	aaacttttac	gatactatgg	540
agcttgaatt	tggttggttac	gaattgaaag	agcctaagta	tacgcttgaa	gaagctcgta	600
tccacgatgc	atcttattca	gcacctatth	ttgtaacctt	ccgtttgatt	aataaagaaa	660
caggagaaat	caaaactcaa	gaagttttct	tcggtgattt	cccaattatg	actgaaatgg	720
gtacattcat	catcaacggg	ggtgaacgta	ttatcgtttc	tcagttgggt	cgttctctcg	780
gtgtttatth	caacgataaa	gttgataaaa	acggtaaagt	tggttacggg	tcaactgtaa	840
tccctaaccg	tggagcatgg	cttgaattag	aaacagattc	aaaagatatt	gcttacacac	900
gtatcgaccg	tacacgtaaa	attccattta	caactcttgt	acgtgcgctt	ggtttctcag	960
gtgatgatga	aatcatggat	atctttgggt	atagcgaact	tggtcgtaac	acaatcgaaa	1020
aagatattca	caaaaaccca	gcagactcac	gtactgacga	agctcttaaa	gaaatttacg	1080
aacgccttcg	tccaggtgaa	ccaaaaacag	ctgatagctc	acgtagcttg	cttgtagctc	1140
gtttctttga	cccacgtcgt	tatgacttgg	cagctgttgg	tcgttacaaa	atcaacaaaa	1200
aacttaacat	caagactcgt	cttttgaacc	aaacaatcgc	tgaaaacttg	gttgatgctg	1260
aaactgggtga	aatccttggg	gaagctggta	cagtaatgac	acgtgacgtg	attgattcaa	1320
tcgctgatca	attggatggg	gaccttaaca	actttgttta	cacaccaaht	gattacgctg	1380
ttgtcactga	acctgttggg	cttcaaaaa	tcaaagttgt	tgaccaaacc	gatccagacc	1440
gcgttggttac	aatcggttgg	aacgcaaatc	ctgatgacaa	agcgctgctg	cttacaccag	1500
ctgatattct	ggcagaaatg	tcttacttcc	ttaaccttgc	tgaaggtcta	ggtaaagttg	1560
atgatattga	ccaccttggg	aatcgctcgt	ttcgtgcctg	tggtgaattg	cttgctaacc	1620
aattccgtat	tggtcttggg	cgtatggaac	gtaacgttcg	ggaacgtatg	tcagttcaag	1680
acaacgaagt	gttgacacca	caacaaatca	tcaacattcg	tctgttact	gcagccgtta	1740
aagaattctt	cggttcatct	caattgtcac	agttcatgga	ccaacacaa	ccactttctg	1800
agttgtctca	caaacgtcgt	ttgtcagcct	taggacctgg	tggtttgact	cgtgaccgtg	1860
ctgggttatga	agttcgtgac	gtgcactaca	ctcactatgg	tcgtatgtgt	ccgattgaaa	1920
ctcctgaagg	acctaacatc	ggtttgatca	ataacttgtc	aacatacggg	caccttaata	1980
aatatgggtt	catccaaaca	ccatatcgta	aagttgaccg	cgctacaggg	gtgattacaa	2040
acgaaatcgt	ttgggtgact	gccgatgaag	aagatgaata	cacagtagca	caggctaact	2100
caaaacttaa	cgaagatgga	acatttgctg	aagacatcgt	tatgggacgt	caccaaggta	2160
ataaccaaga	gttcccagca	agcgttgggt	acttcgtaga	cgtttcacct	aaacaagtag	2220
ttgccgttgc	gacagcatgt	attcctttcc	ttgaaaacga	tgactctaac	cgtgccctta	2280
tgggtgccaa	catgcaacgt	caagcgggtg	cattgattga	tccacacgca	ccatatgttg	2340
gtactgggat	ggaatatcaa	gcagcccacg	actcagggtg	tgcaagttat	gctaaacacg	2400
atggacgcgt	tatcttctct	gatgctgaaa	aagttgaagt	tcgtcgcgaa	gatgggtcac	2460
ttgatgttta	ccacattact	aaattccgtc	gttctaactc	aggtacagct	tataaccaac	2520
atacacttgt	taaagttggc	gatatcgttg	gaaaagggtga	cttcactcgt	gatgggtcct	2580
caatggaaaa	aggtgaaatg	gcccttgggt	aaaacccaat	cgctgccttac	atgackttgg	2640
aaggtttacaa	cttcgaggat	gcggttatca	tgtctgaacg	ccttgtgaaa	gatgatgtct	2700
atacatctgt	tcacttggaa	gaatacgaat	cagaaacacg	tgataactaag	ttaggccctg	2760
aagaaatcac	tcgcgaaatt	ccaaacgttg	gtgaagatgc	ccttcgcaac	ttggacgaaa	2820
tggggattat	ccgtattggg	gccgaagtta	aagagggcga	cattcttggg	ggtaaagtca	2880
cacaaaaagg	tgaaaaagat	ctttctgctg	aagagcgtct	cttgcacgca	atcttcgggtg	2940
acaagtcacg	tgaagtacgt	gatacctctc	ttcgtgtacc	tcacgggtgc	gatgggtgctg	3000
ttcgtgatgt	gaaaatcttt	actcgtgcc	acggtgatga	attgcaatca	ggtgttaaca	3060
tggttggttcg	tgtttcacat	cgctcaaaaa	cgtaagatca	aggtcggaga	taagatggcc	3120
ggtcgtccac	ggtaacaagg	gtgtcgtttc	acgtaywgta	cctgttgagg	atatgccata	3180
tcttccagat	ggaacaccag	ytgacawcat	gttgaacca	ctsggggtgc	catcwcgtat	3240
gaacatcgga	caagttatgg	agcttcacct	tggtatgggt	gctcgttaacc	ttggtattca	3300
cattgcaaca	ccagtctttg	atggggcaac	ttctgaagac	ctttgggata	cagttaacga	3360
agctgggatg	gctagcgacg	ctaagacagt	tctttacgat	ggacgtactg	gtgaaccatt	3420
tgataaccgt	gtgtcagttg	gtgtcatgta	catgattaaa	cttcaccaca	tggttgatga	3480
taaacttcac	gcacgttcag	ttggctcctta	ctcacttgtt	acgcaacaac	ctcttgggtg	3540
taaagcacia	tttgggtggac	aacgtttcgg	tgaatggaa	gtttgggctt	tggaagctta	3600
cggtcacatca	aatgttcttc	aagaaatctt	gacttacaaa	tcagatgatg	tcaacggctg	3660
tcttaaagct	tatgaagcca	tcactaaagg	taaaccaatt	ccaaaaccag	gtgttccaga	3720
atcattccga	gttcttgtta	aagaattgca	atcacttggg	cttgacatgc	gcgtgcttga	3780
tgaagatgac	aatgaagtag	aacttcgtga	tcttgatgaa	ggtgaagatg	acgatgttat	3840

AGCTCAACCAATTGATTTACAAATCATCAAAGTTTATTACCTAAGAACGCCGAGCAAGTGATT
AACATCATCGGTAACGGGAACATTGAGAAGATTAAGTGCTTGACGCCAGCTGACATTATTGCGT
CAATGAACACTACTATCTCTATTTAGACCAAGGAATTGGTGTGACAGATGATATCGACCACTTGGC
TAACCGTCGTATTCGTTTCAGTCGGTGAATTATTGCAAAACCAATTCGGTATCGGGCTATCCCGG
ATGGAACGGGTAGTGCGTGAACGTATGTGCTCCAAGATGTTGCGACCATCACACCGCAACAAT
TGATTAACATTTCGTCCAGTAGTGGCGGCTATTAAGGAATTCTTCGGTTCATCCCAGTTGTACA
ATTTCATGGACCAAGTTAACCACCTCGGGGAATTGACCCACAAACGTCGTCGTCTGTCAGCCTTAGGG
CCTGGTGGTTTGACGCGGGACCGTGCCGGCTATGAAGTGCGGGACGTTCACTACTCTCACTACG
GCCGTATGTGTCCAATCGAGACGCCAGAAGGTCCTAACATCGGGTTGATTAACAGCTTGTCTTC
TTATGCCAAGATTAACAAGTATGGTTTTATTGAGACGCCCTTACCGTAAAGTGGAACAATCGGTT
ACGCCACACCGTGTACGACCGAAATTGACTACCTAGCAGCGGACGAGGAAGACTTGTACGTAG
TAGCCCAAGCCAACCTCTAAACTCAACGAAGACGGGACCTTCGCCAATGACCTAGTTATGGCGCG
TTTCCGTTCACAAAACATTGAGGTTAACGTTGACCAAGTAGACTACATGGACGTATCGCCAAAA
CAGGTTGTGCGTGTGCGGACTGCTAGCATTCCGTTCTTGGAACGACGACTCCAACCGGGGCT
TGATGGGTGCCAACATGCAACGTCAAGCTGTGCCACTTATTAATCCACAATCCCCACTGATTGG
GACTGGGATGGAATATAAGGCAGCACACGACTCTGGGGCTGCGCTCTTATGTAAGCGCGCCGGT
GAAGTGGTTTTATGTCGATGCTAACAAGGTGCGCGTGCACCTCCAGAAGGTGAAGTTGACGAAT
ACCGTTTAACCAAGTTTGCACGTTCTAACGCTGGGACCTGTTACAACCAACGTCCAATCGTAGA
ATTAGGCGACCAAGTTGATGCCTTGGAATCTTAGCAGATGGTCCATCTATGCAAAATGGGGAG
ATGGCCCTCGGTCAAAACCCACTGGTAGCCTTCATGACTTGGGAAGGGTATAACTATGAGGACG
CGGTTATCATGTCTGAACGTCTGGTCAAAGACGATGTTTATACCTCTATCCACATTGAAGAATA
TGAATCAGAGTCCCGTGAYACYAAGTTAGGCCCTGAAGAAATTACACGCGAAATTCCAAACGTG
TCCGAAGATGCCCTCAAGTACTTAGACAAAGACGGGATTATCTGTATCGGGGCGGAAGTAAAG
ACGGCGATATCTTAGTTGGTAAGGTAACACCAAAGGTGTGACCGAGTTGTCTGCGGAAGAACG
CTTGCTCCATGCTATCTTCGGTGAGAAGGCGCGTGAAGTACGTGATACTTCCCTTGCGTGTGCCA
CACGGCGGGGCGGGATTGTCCACGACGTTAAATCTTTACCCGCGAAGCTGGCGACGAATTGG
CACCAGGTGTCAACAAGCTAGTCCGCGTCTACATCGTACAAAAACGTAAATCAATGAAGGGGA
TAAGATGGCCGGTCTGTCACGGTAACAAAGGGGTTGTCTCCCTTATCATGCCGGAAGAAGATATG
CCATTCTTACCAGATGGTACCCAGTTGATATCATGTTGAACCCATTAGGGGTTCCATCCCGTA
TGAACATCGGGCAAGTCCTAGAGTTACACTTGGGGATGGCTGCTCGCGAAATGGGCATCAAGAT
TGCAACACCTGTCTTTGACGGTGCTAGTGAAGAAGATGTCTGGGAAACAGTTAAGGAAGCCGGC
TTAGAAGCTGACGCTAAGACTATCTTATATGATGGTCTGAACCGGTGAACCATTTGACCGTAAAG
TCTCTGTTGGGGTTATGTACATGATTAAGTTGGCCACATGGTTCGATGACAAGTTGCACGCCCG
TTCAACAGGTCCATCTCTGTTTACCAACAACCATTTGGGTGGTAAAGCTCAATTTGGTGGG
CAACGTTTCGGGAGATGGAGGTTTGGGCCCTA

<210> 4

<211> 3198

<212> ADN

<213> *Streptococcus mutans*

<400> 4

GGACCCTTTTATGACTTCTTGGATACAGGTCTGAAGGAAGTTTTTGAAGATGTGCTTCCAATTT
CCAATTTTCACAGACACTATGGAATTAGAGTTTGTGGGTTATGAGTTGAAAGAGCCTAAGTATAC
ATTGGAAGAAGCACGTGCTCATGATGCACATTATTCGCCCCATCTTTGTTACTTTCCGTCTC
ATCAATAAAGAACTGGTGAAATTAAGACACAAGAAGTATTTTTTGGTGATTTTCCCTTGATGA
CTGAAATGGGTACTTTTATTATTAATGGTGCTGAACGTATTATCGTTTCTCAGTTGGTACGTTT
ACCAGGTGTTTTATTTAATGATAAAGTGGATAAAAATGGGAAAATTGGCTATGGTTCAACTGTT
ATCCCTAACCGCGGTGCTTGGCTTGAGCTTGAAACGGACTCTAAGGATATTGCTTATACTCGTA
TTGATCGTACTCGTAAATTCCTTTTACGACGCTGGTTTCGTGCACTCGGTTTTTCCGGGGATGA
TGAGATTATTGATATTTTTTGGTGATAGCGAATTGGTTCGTAATACCATTGAAAAAGATATCCAT
AAAAATCCTAATGACTCTCGTACAGATGAAGCTCTCAAGGAANTTATGAACGTCTTCGTCCGGG
TGAACCTAAAACGGCAGATTCNTCACGCAGTCTTCTGATTGCACGTTTCTTTGATGCGCGCCGT
TATGATTAGCAGCTGTTGGCCGCTATAGATAATAAGAAGTTAAACGTCAAAACGGGTCTTTGAA
TCAAGTCATTGGCTGAAAANNAGTAGATCTGAAACAGGCGAAATTCCTGTTGAAAGCTGGGACT
GAAATGACACGCAGTGTAATTGATTTCGATTGCAGATTATCTTGATGGAGATCTCAATAAAATTG

gcacgttgat	gatctttgaaa	aagctcgtca	aaaacaagaa	gcagaagaag	cggaaaaaagc	3900
agaagtttct	gcagaagaaa	acaaataata	ggaaagaaca	ttcagacatg	agagaggcaa	3960
gacctgcttc	tcttggtcag	attgtttgat	tgagtcctat	aacgataaat	gatgtcttac	4020
gaatcatgaa	tttgtaaagtc	atgacagtta	gaaagtagcg	cagctatttc	aaagtcataa	4080
gaagggtatca	tggtgacgta	atcggttacag	ccggcgctc			4118

<210> 3

<211> 3425

<212> DNA

<213> Abiotrophia defectiva

<400> 3

atataggggca	cgcgtgggtcg	acggccccggg	ctggtcctaa	acaacatgta	acgtcactcc	60
gatgagttgg	ttctgttggtc	tttttttttgc	gcttcaaaga	ccgaaaaatg	tcattttgtca	120
acaattatta	ataattgtaa	ccttaatgta	aagtgggtgtt	cttagattat	attatagggg	180
tgaatcgctt	gagtcataatc	gtgaaatacg	gtaaaaaagc	tgagcgctcga	agctatgctc	240
gtatcgacga	agtcttagag	ttgccgaact	tgattgaaat	ccaaacggat	tcctacaaat	300
ggttcttggg	tgaaggggcta	aaagtgtatgt	tcgaggacat	ttcgccgatt	gtcgcaccatt	360
cggagaactt	ggaaacttcat	tttgtagact	atgagttcaa	ggaagctaag	tatagcttag	420
aagaagctcg	tagccatgac	gctaactact	caaaaccaat	ctatgtaacc	ttgcgcctgt	480
tcaacaaaga	gacaggtgaa	gtcaaagaac	aagaagtctt	cttcggggac	ttcccaatca	540
tgaccgaaat	gggggaccttc	attatcaacg	gggcgggaacg	ggttatcggt	ttccagttgg	600
tacgtttctcc	aggtgtctac	ttccacgacc	gtatggacaa	gaaaggccgc	cacagctata	660
cttctacggt	tattcctaac	cgtgggggctt	ggttggaatt	tgaatcagat	gctaagggga	720
ttgcctacgt	ccgcattgac	cggaccocgga	agattccatt	gactgtcttg	atgctgtgct	780
taggttttgg	ttcagatgac	gagatttatg	atatcttcgg	ccaatctgag	ctcttagact	840
taactatcga	gaaggatgtt	cacaaaaaca	ttcaagactc	tcgtacggaa	gaagccttga	900
aggacattta	cgagcgtctc	cgtccagggtg	aacctaaagac	cgcagaaagc	tcacgtaacc	960
tcttgggttg	gcgcttcttc	gacccacgctc	gctatgactt	agcacctgta	ggctggtata	1020
agatcaataa	aaagctccac	ctcaagaacc	gtttggttgg	cttgactttg	gctgaaacct	1080
tggttaaccc	agaaacaggc	gaagtgtctt	ttgaagaagg	aacggtcttg	gatcaagaac	1140
gtgttcaagc	tacttagagg	tacttagagg	ctggcttgaa	taaggtaacc	ctctatcctt	1200
ctgaagatag	tgtggtagct	caaccaattg	atttacaaat	catcaaagtt	tattcaccta	1260
agaacgccga	gcaagtgtat	aacatcatcg	gtaacgggaa	cattgagaag	attaagtgtc	1320
tgacgccagc	tgacattatt	gcgtcaatga	actactatct	ctatttagac	caaggaattg	1380
gtgtgacaga	tgatatcgac	cacttggcta	accgtcgtat	tcgttcagtc	ggtgaattat	1440
tgcaaaaacca	attccgtatc	gggctatccc	ggatggaacg	ggtagtgctg	gaacgtatgt	1500
cgtccaaga	tggtgcgacc	atcacaccgc	aacaattgat	taacattcgt	ccagtagtgg	1560
cggctatttaa	ggaattcttc	ggttcatccc	agttgtcaca	attcatggac	caagttaacc	1620
cactcggggga	attgaccac	aaacgtcgctc	tgctcagcctt	agggcctggg	ggtttgacgc	1680
gggaccgtgc	cggctatgaa	gtgcgggacg	ttcactactc	tcactacggc	cgtatgtgtc	1740
caatcgagac	gccagaaggt	cctaacatcg	ggttgattaa	cagcttgtct	tcttatgcca	1800
agattaacaa	gtatggtttt	attgagacgc	cttaccgtaa	agtggaacaa	tcggttacgc	1860
cacaccgtgt	cacgaccgaa	attgactacc	tagcagcgga	cagaggaagac	ttgtacgtag	1920
tagcccaagc	caactctaaa	ctcaacgaag	acgggacctt	cgccaatgac	ctagttagtg	1980
cgcgtttccg	ttcacaaaac	attgaggtta	acgttgacca	agtagactac	atggacgtat	2040
cgcacaaaaca	ggttgtcgct	gtcgcgactg	ctagcattcc	gttcttggaa	aacgacgact	2100
ccaaccgggg	cttgatgggt	gccaacatgc	aacgtcaagc	tgtgccactt	attaatccac	2160
aatccccact	gattgggact	gggatggaat	ataaggcagc	acacgactct	ggggctgcgc	2220
tcttatgtaa	gcgcgcgggt	gaagtgggtt	atgtcgatgc	taacaagggtg	cgcgtgcgca	2280
ctccagaagg	tgaagttgac	gaataccggt	taaccaagtt	tgacagttct	aacgctggga	2340
cctgttacaa	ccaacgtcca	atcgtagaat	taggcgacca	agttgatgcc	ttggaaatct	2400
tagcagatgg	tccatctatg	caaaatgggg	agatggccct	cgtcaaaaac	ccactggtag	2460
ccttcatgac	ttgggaaggg	tataactatg	aggacgcggt	tatcatgtct	gaacgtctgg	2520
tcaaagacga	tgtttatacc	tctatccaca	ttgaagaata	tgaatcagag	ttccgtgaya	2580
cyaagttagg	ccctgaagaa	attacacgcg	aaattccaaa	cgtgtccgaa	gatgccctca	2640
agtaactaga	caaagacggg	attatctgta	tcggggcgga	agtaaaagac	ggcgatatct	2700
tagttggtaa	ggtaacacca	aaaggtgtga	ccgagttgtc	tgccggaagaa	cgcttgctcc	2760
atgctatctt	cgggtgagaag	gcgcgtgaag	tacgtataac	ttccttgcgt	gtgccacacg	2820
gcggggggcg	gattgtccac	gacgttaaaa	tctttaccgc	cgaagctggc	gacgaattgg	2880
caccaggtgt	caacaagcta	gtccgcgtct	acatcgtaca	aaaacgtaaa	atcaatgaag	2940

TTTATACGCCAAATGAATACGCTGTTTTGACAGAACCCTGTTGTTCTTCAAAAATTCAAAGTTAT
 GGCTCCAAATGATCCAGACCGCACGGTTACTGTTATTGGTAATGCCAGTCCAAGATGACAAAGT
 ACGTCACTTGACACCAGCCGATACGTATTAGCTGAAATGTCTTATTTCTTAACTTGGCTGAGG
 GTNTAGGTAAAGTTGATGATATTGACCATTTAGGCAACCGACGTATTCGTGCTGTTGGTGAATT
 GCTTGCTAATCAATTTTCGTATTGGTPTTGGCACGTATGGAACGCAATGTTTCGTGAACGCATGTCC
 GTTCAAGATAATGAAGTCTTAACGCCACAACAGATTATTAACATTGCCCCGTGAACAGCGGCAA
 TTAAAGAGTTTTTTGGTTCTTCTCAATTGTCACAGTTTCATGGACCAACACAATCCACTGTCTGA
 ATTGCTCATAAACGCCGTTTGTGTCAGCTTTAGGTCCTGGTGGTTTAAACACGCGACCGTGCTGGT
 TATGAAGTCCGTGATGTGCACTATACGCATTATGGTCGTATGTGTCCAATTGAAACGCCCTGAAG
 GACCAATATTGGATTGATTAATAACTTGTCTTCTATGGTCATCTTAATAAATATGGATTTAT
 CCAACACCATAACCGTAAAGTTGACCGTGAGACAGGTAAAGTAACCAATGAAATCGAATGGCTT
 ACTGCTGATGAAGAAGATGAATTCACGTAGCTCAGGCTAACTCAAACTCAATGAAGATGGAA
 GCTTTGCTGAAGAAATCGTCATGGGACGTCATCAAGGGAATAACCAAGAGTTTCCAGCAAGTTC
 TGTTGAATATATGGATGTTTCTCTTAAGCAGGTAGTTGCGGTAGCGACAGCATGTATTCTCTTC
 CTTGAAAATGATGACTCCAACCGTGCCCTTATGGGAGCTAACATGCAGCGCCAAGCTGTGCCAT
 TGATTGATCCTAAAGCACCTTTTGTGTTGGAACGTGTTATGGAATATCAAGCAGCCCATGATTCTGG
 AGCCGCTATTATCGCTCAACATAATGGGAAAGTGGTTTATTTCCGATGCAGATAAGATTGAAGTT
 CGCCGTGAAGATGGCTCACTAGATGTTTATCATGTTACCAATTTCCGTCGTTCTAACTCTGGAA
 CTGCCTACAATCAACGTACTCTTGTAGGGTAGGCGATAGTGTGAGAAGGGGGACTTTATTGC
 AGATGGTCCTTCTATGGAAGGGTGAGATGGCTCTTGGACAAAATCCAGTGGTTGCTTACATG
 ACTTGGGAGGGTTACAACCTTTGAAGATGCTGTTATCATGAGCGAGCGTCTTGTCAAGGATGATG
 TTTATACTTCTGTCCATTTAGAAGAATTTGAATCTGAAACTCGTGATACAAAGCTTGGACCTGA
 AGAAATTACCGGTGAAATCCCAATGTTGGTGAAGATGCCCTGAAAGACCTTGATGAAATGGGA
 ATTATTCGATTTGGTGTGAGGTTAAAGAAGGTGATATTCTAGTTGGTAAAGTGACTCCTAAAG
 GAGAAAAGATCTTCTGTCAGAAGAAGCGCTCTTGCATGCCATTTTGGTGACAAATCACGTGA
 AGTTTCGTGATCTCTCTTCGTGTACCTCATGGTGGCGACGGTGTGTTTGTGATGTGAAAATC
 TTTACACGTGCTAATGGAGATGAACCTCAATCAGGTGTTAACATGCTGGTTCGTGTTTATATCG
 CTCAAAAACGTAAAATCAAGGTGAGAGATAAGATGGCCGACGTCATGGTAACAAGGGTGTCTGT
 TTCCCGTATTGTACAGTGAAGATATGCCATATCTTCCAGATGGAACACCTGTTGATATCATG
 CTTAATCCACTTGGGGTGCCATCACGGATGAACATTGGGCAAGTTATGGAACCTCATCTTGGTA
 TGGCTGCTCGTAATTTGGGCATTATATTTGCAACGCCCTGTCTTTGACGGAGCAACTTCTGATGA
 TCTTTGGGAAACAGTAAAAGAAGCCGGTATGGATTCTGATGCTAAAACGTCTTCTTATGATGGT
 CGCACAGGGGAGCCGTTTGATAATCGTGTATCAGTTGGTGTATGTATATGATTAAACTTCACC
 ACATGGTTGATGAYAACCATTTTGTCTATGTCAMAGWTCAGTTGGCCCTTAKTCAAYGAWTAMTC
 AGASGARITTCCTGCTWGGTGTAAAGGCTNCAATTGTCTTTAGAGGTTAAGGCTGGTGAAATAAC
 GGTATGCTGGTATTGATGGCAATGGGCAAGTGAATANTCAACACCGGCCGTCTACANCGTGC

<210> 5

<211> 3096

<212> ADN

<213> *Enterococcus faecalis*

<400> 5

GACCCTTATCAATTGGTTTTTAGATGAGGGACTTCGTGAAATGTTTGAAGACATTTTACCAATT
 GATGATTTCCAAGGAACTTATCCTTAGAATTTGTTGACTATGAATTAAGAAGCAAAAGTACA
 CAGTAGAAGAAGCCCGCGACATGATGCCAACTATTCTGCGCCATTACATGTAACATTACGTTT
 AACCAACCGTGAAACAGGTGAAATTAATCCCAAGAAGTCTTCTTCGGCGATTTCCTTAATG
 ACAGAAATGGGTACCTTCATCATCAACGGGGCAGAACGTGTTATCGTTTCCCAATAGTTCTGTT
 CTCCAGGTGTTTACTTCCATGGGAAAGTGGACAAAACGGCAAAGAAGGTTTTGGCTCAACAGT
 CATTCCTAACCGTGGTGCATGGTTAGAAATGGAACAGATGCGAAAGACATTTCTTATGTTCCG
 ATTGACCGCACACGTAAAATTCCTTTAACTGTGTAGTTTCGTGCTTTAGGTTTCGGTTCAGATG
 ATACCATCTTCGAAATTTTCGGCGACAGCGAAAGCTTACGCAACACAATTGAAAAGATTTACA
 CAAAACGCAAGTGATTCTCGTACAGAAGAAGGCTTGAAAGACATTTATGAACGCTTTCGCCCCA
 GGCGAACCAAAAACAGCAGATAGCTCACGTAGCTTGTTAACTTGCACGTTTCTTTGATCCAAA
 CGTTATGATTTGGCAAACGTTGGTTCGTACAAAGTTAACAAAAAATTAGACTTAAAAACACGTC
 TATTAACTTAACCTTAGCTGAAACGCTAGTTGATCCAGAACTGGTGTAAATCATTGTGCGAAA

gggataagat	ggccgggtcgt	cacggtaaca	aaggggttgt	ctcccttata	atgccggaag	3000
aagatatgcc	attctttacca	gatggtaccc	cagttgatata	catggtgaac	ccattagggg	3060
ttccatcccc	tatgaacatc	gggcaagtcc	tagagttaca	cttgggggatg	gctgctcgcg	3120
aaatgggcat	caagattgca	acacctgtct	ttgacgggtgc	tagtgaagaa	gatgtctggg	3180
aaacagttaa	ggaagccggc	ttagaagctg	acgctaagac	tatcttata	gatggtcgaa	3240
ccgggtgaacc	atttgaccgt	aaagtctctg	ttgggggttat	gtacatgatt	aagttggccc	3300
acatgggtcga	tgacaagttg	cacgcccgtt	caacagggtcc	atactctctg	gttaccacaac	3360
aaccattggg	tggtaaagct	caatttggtg	ggcaacggtt	cggggagatg	gaggtttggg	3420
cccta						3425

<210> 4

<211> 3198

<212> DNA

<213> Streptococcus mutans

<220>

<221> misc_feature

<222> (619)..(3193)

<223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 4

ggaccctttt	atgactttct	ggatacagggt	ctgaaggaag	tttttgaaga	tgtgcttcca	60
atttccaatt	tcacagacac	tatggaatta	gagtttgtgg	gttatgagtt	gaaagagcct	120
aagtatacat	tggagaagac	acgtgctcat	gatgcacatt	attctgcccc	catctttggt	180
actttccgct	tcatacaata	agaaactgggt	gaaattaaga	cacaagaagt	attttttgggt	240
gattttccct	tgatgactga	aatgggtact	tttattatta	atgggtgctga	acgtattatc	300
gtttctcagt	tggtagcttc	accagggtgt	tattttaatg	ataaagtgga	taaaaatggg	360
aaaattgggt	atgggttcaac	tgttatccct	aaccgcggtg	cttggcttga	gcttgaaacg	420
gactctaagg	atattgctta	tactcgtatt	gatcgtactc	gtaaaattcc	ttttacgacg	480
ctgggttcgtg	cactcgggtt	ttccggggat	gatgagatta	ttgatatttt	tgggtgatagc	540
gaattgggtc	gtaataccat	tgaaaaagat	atccataaaa	atcctaata	ctctcgtaca	600
gatgaagctc	tcaaggaant	tatgaacgtc	ttcgtccggg	tgaacctaaa	acggcagatt	660
cntcacgcag	tcttctgatt	gcacgtttct	ttgatgcgcg	ccgttatgat	tagcagctgt	720
tggccgctat	agataataag	aagttaaacg	tcaaaacggg	tctttgaatc	aagtcattgg	780
ctgaaaanna	gtagatctga	aacaggcgaa	attcttgggt	aaagctggga	ctgaaatgac	840
acgcagtgtg	attgattcga	ttgcagatta	tcttgatgga	gatctcaata	aaattgttta	900
tacgccaaat	gaatacgtcg	ttttgacaga	acctgttgggt	cttcaaaaat	tcaaagttat	960
ggctccaaat	gatccagacc	gcacgggttac	tgttattgggt	aatgccagtc	caagatgaca	1020
aagtacgtca	cttgacacca	gccgatacgt	attagctgaa	atgtcttatt	tccttaactt	1080
ggctgagggg	ntaggtaaa	ttgatgatata	tgaccattta	ggcaaccgac	gtattcgtgc	1140
tggttggtgaa	ttgcttgcta	atcaatttcg	tattgggtttg	gcacgtatgg	aacgcaatgt	1200
tcgtgaacgc	atgtccgttc	aagataatga	agtcttaacg	ccacaacaga	ttattaacat	1260
tcgccctgta	acagcggcaa	ttaaagagtt	ttttgggttct	tctcaattgt	cacagttcat	1320
ggaccaaacac	aatccactgt	ctgaattgtc	tcataaacgc	cgtttgtcag	ctttaggtcc	1380
tggtgggttta	acacgcgacc	gtgctgggtta	tgaagtcctg	gatgtgcact	atacgcatta	1440
tggctgatatg	tgtccaattg	aaacgcctga	aggaccaaat	attggattga	ttaataactt	1500
gtcttccctat	ggatcatctta	ataaatatgg	atttatccaa	acaccatacc	gtaaagtgtga	1560
ccgtgagaca	ggtaaaagtaa	ccaatgaaat	cgaatggcct	actgctgatg	aagaagatga	1620
attcactgtg	gctcaggcta	actcaaaact	caatgaagat	ggaagctttg	ctgaagaaat	1680
cgatcatggga	cgatcatcaag	ggaataacca	agagttttcca	gcaagttctg	ttgaatatata	1740
ggatgtttct	cctaagcagg	tagttgcgggt	agcgacagca	tgtattcctt	tccttgaaaa	1800
tgatgactcc	aaccgtgccc	ttatggggagc	taacatgcag	cgccaagctg	tgccattgat	1860
tgatcctaaa	gcaccttttg	ttggaactgg	tatgggaatat	caagcagccc	atgattctgg	1920
agccgctatt	atcgctcaac	ataatgggaa	agtggtttat	tccgatgcag	ataagattga	1980
agttcgccgt	gaagatggct	cactagatgt	ttatcatgtt	accaaattcc	gtcgttctaa	2040
ctctggaaact	gcctacaatc	aacgtactct	tgttaggggt	ggcgatagtg	ttgagaaggg	2100
ggactttatt	gcagatgggtc	cttctatgga	aaaggggtgag	atggctcttg	gacaaaaatcc	2160
agtgggttgc	tacatgactt	gggaggggtta	caactttgaa	gatgctgtta	tcatgagcga	2220
gcgtcttgct	aaggatgatg	tttatacttc	tgtccattta	gaagaatttg	aatctgaaac	2280
tcgtgatata	aagcttggtg	ctgaagaaat	tacgcgtgaa	atcccaaata	ttggtgaaga	2340
tgccttgaaa	gaccttgatg	aaatgggaat	tattcgcatt	ggtgctgagg	ttaaagaagg	2400

AAGGCACAGTTTTTAACACACTACATCATGGAAACATTAAGGCRATACATTGACAAAACGGCTTAA
ACAGCGTAACTTACTATCCAAGTGAAGATGCGGTAGTAAGTGAACCAATGACGATCCAAGTGAT
TCAAGTTCTTTTACCAAAAAGATCCTGAACGTATCGTAAATGTGATTGGTAACGGCTATCCAGAC
GACAGCGTAAAAACAGTTCGTCCAGCAGATATCGTTGCTTCAATGAGCTACTTCTTCAACTTAA
TGGAAGATATCGGTAATGTCGATGACATCGACCACTTAGGTAATCGTTCGTATCCGTTTCAGTAGG
CGAATTATTACAAAACCAATTCGGTATTGGTTTAGCCCGTATGGAACGTGTGGTTCGTGAAAGA
ATGTCTATTCAAGACACAGAAACATTGACACCACAACAATTAATTAACATCCGTCCAGTGGTAG
CAAGTATCAAAGAATTCCTTTGGTTCTTCACAGTTATCACAGTTCATGGACCAAACAAACCCATT
AGGTGAGTTAACCATAAAACGTTCGTCTATCAGCCTTAGGGCCTGGTGGTTTACTCGTGATCGT
GCCGGTTATGAAGTTTCGTGACGTTCACTACTCTCACTATGGTCGTATGTGTCCAATTGAAACGC
CTGAGGGACCAAATATCGGGTTGATCAATAGCTTATCTAGTTATGCGAAAGTGAATAAATTTGG
TTTCATCGAAACGCCCTTATCGCCGTGTTGATCGTGCACAGGCCGTGTTACTGATCAAGTAGAT
TACTTAACAGCAGACATCGAAGACCATTATATCGTAGCGCAAGCGAACTCACTTTTAAATGAAG
ATGGCACATTTGCCAATGATGTTGTTATGGCGCGTCTACAAAGTGAAAACCTTAGAAGTTGCCGT
AGACAAAGTTGACTACATGGACGTTTCACCAAAACAGTAGTCGCAGTCGCAACAGCATGTATT
CCTTTCCTTAGAAAACGATGACTCCAACCGTGCCCTGATGGGTGCCAACATGCAGCGTCAAGCGG
TGCCGTTAATTCACACGCTCTCCGTGGGTAGGTACAGGTATGGAATATAAATCAGCCCATGA
CTCAGGTGCTGCTTTACTATGTAAACATGACGGTGTCTGATGAATTCGTGATGCAAAAGAAAT
CGCGTTTCGTTCGCGACAAATGGCGCATTAGACAAATATATGGTTACAAAATTCGTCGTCTTAAT
CAGGAACAAGCTACAACCAACGCCCAATTGTTCACTTAGGTGAAAAGTTGAAAAGGCGATACTT
TACCGGATGGACCTTCTATGGAAGAAGCGAAATGGCTTTATGGCAAAACGTCTTAGTTGCCCTC
ATGACATGGGAAGGTTACAACACGAGGATGCCATTATCATGAGCCGTGCTTTAGTTAAAGACG
ATGTCTACACTTCTGTGCATATTGAAGAATATGAATCAGAAGCACGTGATACAAAATTAGGACC
TGAAGAAATTACCCGTGAAATTCCAAACGTTGGGGAAGACGCGTTGAAAGACTTAGACGAAATG
GGGATTATCCGCATTGGTGTCTGAAGTTCAAGATGGCGACTTACTAGTTGGGAAAGTCACACCTA
AAGGGGTACAGAAATATCTGCAGAAGAACGTTTATTACACGCAATCTTCGGGGAAAAAGCCCG
CGAAGTTTCGTGATACGTCTCTCCGTGTACCTCAGGTTGGCGGCGGTATCGTTTCATGATGTGAAA
ATCTTTACTCGTGAAGCTGGCGATGAATTATCACCAGGTGTCAACATGTAGTTTCGTGTCTATA
TCGTTCAAAAACGTAAAATTCACGAAGGAGATAAAATGGCGGGACGTCACGGAAATAAAGGGGT
TGTTTTCCCGTATTATGCCGGAAGAAGATATGCCATTCTTACCTGACGGAACACCTGTTGATATC
ATGTTGAACCCATTAGGGGTACCTTCTCGTATGAATATCGGACAAGTACTTGAATTACACTTAG
GTATGGCTGCTCGCAATTAGGTATTCACGTGCAACACCTGTTTCGATGGGGCAACCGATGA
AGACGTTTGGGAAACTGTTTCGTGAAGCTGGTATGGCTAGCGATGCTAAAACAGTTCTTTACGAT
GGACGTACAGGTGAACCAATTTGATAACCGTATTTCCGTTGGTGTGTCATGTATATGATTAAATTAG
CCCACATGGTTGATGACAAATTGCATGCTCGTTCAATCGGACCTTACTCTCTTGTACGCAACA
ACCGTTGGGTGTAAAGCTCAATTTC

<210> 6

<211> 20

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

<400> 6

AARYTNGGMCCTGAAGAAAT

<210> 7

<211> 23

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

tgatattcta	gttggtaaag	tgactcctaa	aggagaaaaa	gatctttctg	cagaagaacg	2460
cctcttgcac	gccatttttg	gtgacaaatc	acgtgaagtt	cgtgataactt	ctcttcgtgt	2520
acctcatggt	ggcgacgggtg	ttgtttgtga	tgtgaaaatc	tttacacgtg	ctaattggaga	2580
tgaacttcaa	tcaggtgtta	acatgctggt	tcgtgtttat	atcgctcaaa	aacgtaaaat	2640
caaggtcgga	gataagatgg	ccggacgtca	tggttaacaag	gggtgctgtt	cccgatttgt	2700
accagtggaa	gatatgccat	atcttcocaga	tggaacacct	gttgatatca	tgcttaaatcc	2760
acttgggggtg	ccatcacgga	tgaacattgg	gcaagttatg	gaactccatc	ttgggtatggc	2820
tgctcgtaac	ttgggcatte	atattgcaac	gcctgtcttt	gacggagcaa	cttctgtatga	2880
tctttgggaa	acagtaaaag	aagccgggtat	ggattctgat	gctaaaactg	ttctttatga	2940
tggtcgacac	ggggagccgt	ttgataatcg	tgtatcagtt	gggtgttatgt	atatgattaa	3000
acttcaccac	atggttgatg	ayaaccattt	tgtctatgca	magwtcagtt	ggcccttakt	3060
caaygawtam	tcagasgart	tcctgctwgg	tgtaaaggct	ncaattgtct	ttagagggtta	3120
aggctgggtga	aataacggta	tgctggtatt	gatggcaatg	ggcaagtga	tantcaacac	3180
cggccgtcta	cancgtgc					3198

<210> 5
 <211> 3096
 <212> DNA
 <213> Enterococcus faecalis

<400> 5						
gacccttate	aattgggtttt	tagatgaggg	acttcgtgaa	atgtttgaag	acattttacc	60
aattgatgat	ttccaaggaa	acttatcctt	agaatttggt	gactatgaat	taaaagaacc	120
aaagtacaca	gtagaagaag	cccgcgcaca	tgatgccaac	tattctgcgc	cattacatgt	180
aacattacgt	ttaaccaacc	gtgaaacagg	tgaattataa	tcccaagaag	tcttcttcgg	240
cgatttccca	ttaatgacag	aaatgggtac	cttcatcacc	aacggggcag	aacgtgttat	300
cgtttcccaa	ttagttcggt	ctccaggtgt	ttacttccat	ggaaaaagtg	acaaaaacgg	360
caaagaaggt	tttgggtcaa	cagtcattcc	taaccgtggt	gcatgggttag	aaatggaaac	420
agatgcgaaa	gacattttctt	atgttcggat	tgaccgcaca	cgtaaaaattc	ctttaactgt	480
gtaggttcgt	gcttttaggtt	tcgggttcaga	tgataccatc	ttcgaaaattt	tcggcgacag	540
cgaaagetta	cgcaacacaa	ttgaaaaaga	tttacacaaa	aacgcaagtg	attctcgtac	600
agaagaaggc	ttgaaagaca	tttatgaacg	tcttcgccca	ggcgaaccaa	aaacagcaga	660
tagctcacgt	agcttggttaa	cttgcaogtt	tctttgatcc	aaaacgttat	gatttggcaa	720
acgttggtcg	ctacaaagtt	aacaaaaaat	tagacttaaa	aacacgtcta	ttaaacttaa	780
ccttagctga	aacgctagtt	gatccagaaa	ctgggtgtaaa	tcattgtcga	aaaaggcaca	840
gttttaacac	actacatcat	ggaaacatta	aggcrataca	ttgacaaaacg	gcttaaacag	900
cgtaacttac	tatccaagtg	aagatgcggt	agtaactgaa	ccaatgacga	tccaagtgat	960
tcaagttctt	tcaccaaag	atcctgaacg	tatcgtaaat	gtgattggta	acggctatcc	1020
agacgacagc	gtaaaaacag	ttcgtccagc	agatatacgt	gcttcaatga	gctacttctt	1080
caacttaatg	gaagatatcg	gtaatgtcga	tgacatcgac	cacttaggta	atcgctcgat	1140
ccgttcagta	ggcgaattat	tacaaaaacca	attccgtatt	ggtttagccc	gtatggaacg	1200
tgtggttcgt	gaaagaatgt	ctattcaaga	cacagaaaca	ttgacaccac	aacaattaat	1260
taacatccgt	ccagtggtag	caagtatcaa	agaattcttt	ggttcttcac	agttatcaca	1320
gttcatggac	caaacaaacc	cattaggtga	gttaaccat	aaacgtcgtc	tatcagcctt	1380
agggcctggt	ggtttgactc	gtgatcggtc	cggttatgaa	gttcgtgacg	ttcactactc	1440
tcactatggt	cgatatgtgc	caattgaaac	gcctgagggga	ccaaatatcg	ggttgatcaa	1500
tagcttatct	agttatgcga	aagtgaataa	atttggtttc	atcgaaacgc	cttatcgccg	1560
tggtgatcgt	gcgacaggcc	gtgttactga	tcaagtagat	tacttaacag	cagacatcga	1620
agaccattat	atcgtagcgc	aagcgaactc	acttttaaat	gaagatggca	catttgccaa	1680
tgatgttggt	atggcgcgtc	tacaaagtga	aaacttagaa	gttgccgtag	acaaagttga	1740
ctacatggac	gtttcaccaa	aacaagtagt	cgcagtcgca	acagcatgta	ttcctttctt	1800
agaaaacgat	gactccaacc	gtgccttgat	gggtgccaac	atgcagcgtc	aagcggtgcc	1860
gttaattcaa	ccacgctctc	cgtgggttagg	tacaggtatg	gaatataaat	cagcccatga	1920
ctcaggtgct	gctttactat	gtaaacatga	cggtgtcgtg	gaattcgtcg	atgcaaaaga	1980
aattcgcggt	cgtcgcgaca	atggcgcat	agacaaatat	atggttacaa	aattccgtcg	2040
ttctaactca	ggaacaagct	acaaccaacg	cccaattggt	cacttaggtg	aaaagttgaa	2100
aaggcgatac	tttaccggat	ggaccttcta	tggaagaagc	gaaatggcct	tatggcaaaa	2160
cgtcttagtt	gccttcatga	catgggaagg	ttacaactac	gaggatgcca	ttatcatgag	2220
ccgtcggtta	gttaaagacg	atgtctacac	ttctgtgcat	attgaagaat	atgaatcaga	2280
agcacgtgat	acaaaattag	gacctgaaga	aattaccgct	gaaattccaa	acgttgggga	2340
agacgcgttg	aaagacttag	acgaaatggg	gattatccgc	attggtgctg	aagttcaaga	2400

<400> 7

TGIARTTTRTCATCAACCATGTG

<210> 8

<211> 709

<212> ADN

<213> *Streptococcus suis*

<400> .8

CGCGAAATTCCAAACGTTGGTGAAGATGCCCTTCGCAACTTGGACGAAATGGGGATTATCCGTA
TTGGTGCCGAAGTTAAAGAGGGCGACATTCTTGTTGGTAAAGTCACACCAAAGGTGAAAAAGA
TCTTTCTGCTGAAGAGCGTCTCTTGACGCAATCTTCGGTGACAAGTCACGTGAAGTACGTGAT
ACCTCTCTTCGTGTACCTCACGGTGCCGATGGTGTCTGTTTCGTGATGTGAAAATCTTTACTCGTG
CCAACGGTGATGAATTGCAATCAGGTGTTAACATGTTGGTTTCGTGTTTACATCGCTCAAAAACG
TAAGATCAAGGTCGGAGATAAGATGGCCGGTTCGTACGGTAACAAGGGTTCGTTCACGTATT
GTACCTGTTGAGGATATGCCATATCTTCCAGATGGAACACCAGTTGACATCATGTTGAACCCAC
TCGGGGTGCCATCACGTATGAACATCGGTTCAGGTTATGGAACCTCACTTGGGTATGGCGGCTCG
CAACTTGGGCATCCATATCGCAACACCAGTTTTTCGATGGTGCAAGTTCAGAAGACCTCTGGTCA
ACTGTTAAAGAAGCAGGTATGGACTCAGATGCCAAGACCATTCTTTACGATGGACGTACAGGTG
AACCATTGACAACCGTGTATCTGTTGGTGTACATGTACATGATCAAGCTTCACCACATGGTTGA
TGACA

<210> 9

<211> 725

<212> ADN

<213> *Streptococcus sanguinis*

<400> .9

TGTCATCAACCATGTGGTGAGCTTAATCATGTACATGACACCGACAGATACACGGTTGTCAAAC
GGCTCACCGGTACGTCCATCGTAAAGAATAGTCTTGGCATCGCTATCCATACCAGCTTCACGGA
CAGTATCCCAGAGGTCTTCTGAGCTTGCTCCATCAAAGACCGGTGTCGCAATATGGATGCCCCAA
GTTACGTGCTGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCAATGTTTCATACGTGATGGTACC
CCGAGTGGGTTTCAGCATGATATCAACTGGTGTTCGGTCTGGCAAATAAGGCATGTCTTCCACAG
GAACGATACGGGATACAACCCCTTGTTCCTGACGACCGCCATCTTATCTCCGACCTTGAT
CTTACGTTTTTGGAGCGATGTAGACACGAACCAACATATTAACGCCAGATTGCAACTCATACCA
TTAGCACGGGTAAAGATCTTCACGTACGAACCACTCCATCAGCACCGTGCGGCACACGCAGAG
AGGTATCACGGACTTCACGAGACTTGCTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGGCGCTCTTCAGCAGA
AAGATCTTTTTTACCCTTAGGGGTAACCTTTACCTACAAGGATATCGCCTTCCTTGACTTCCGCC
CCGATGCGGATAATACCCATTTTCGTCCAAATTGCGTAGGGCATCTTCCCCTACGTTTGGAATTT
CGCGGGTAATTCTTCAGGTCA

<210> 10

<211> 728

<212> ADN

<213> *Streptococcus salivarius*

<400> 10

TTGTCATCAACCATGTGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAACTGATACACGGTTATCAAA
TGTTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTCTTAGCATCACTATCCATACCTGCTTCACGA
ACAGTATCCCAGAGGTCTTCTGAGCTTGCCCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCCA
AGTTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCGATGTTTCATACGTGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCTTCAACA

tggcgactta	ctagttggga	aagtcacacc	taaaggggtc	acagaattat	ctgcagaaga	2460
acgtttatta	cacgcaatct	tcggggaaaa	agcccgcgaa	gttcgtgata	cgtctctccg	2520
tgtacctcac	ggtggcggcg	gtatcggtca	tgatgtgaaa	atctttactc	gtgaagctgg	2580
cgatgaatta	tcaccagggtg	tcaacatggt	agttcgtgtc	tatatcgttc	aaaaacgtaa	2640
aattcacgaa	ggagataaaa	tggcgggacg	tcacggaaat	aaaggggttg	tttcccgtat	2700
tatgccggaa	gaagatatgc	cattcttacc	tgacgggaaca	cctgttgata	tcatgttgaa	2760
cccattaggg	gtaccttctc	gtatgaatat	cggacaagta	cttgaattac	acttaggtat	2820
ggctgctcgc	caattaggta	ttcacgtcgc	aacacctgtt	ttcgatgggg	caaccgatga	2880
agacgttttg	gaaactgttc	gtgaagctgg	tatggctagc	gatgctaaaa	cagttcttta	2940
cgatggacgt	acagggtgaac	catttgataa	ccgtatttcc	gttgggtgtca	tgtatatgat	3000
taaattagcc	cacatggttg	atgacaaaatt	gcattgctcgt	tcaatcggac	cttactctct	3060
tgttacgcaa	caaccgttgg	gtgtaaagct	caattc			3096

<210> 6
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(6)
 <223> n représente a, t, c ou g ou i

<400> 6
 aarytnggmc ctgaagaaat

20

<210> 7
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> amorce

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(3)
 <223> n représente i

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(3)
 <223> n représente a, t, c ou g ou i

<400> 7
 tgnarttttrt catcaaccat gtg

23

<210> 8
 <211> 709
 <212> DNA
 <213> Streptococcus suis

<400> 8						
cgcgaaattc	caaacgttgg	tgaagatgcc	cttcgcaact	tggaacgaaat	ggggattatc	60
cgtattgggtg	ccgaagttaa	agagggcgac	attcttgttg	gtaaagtcac	acaaaaaggt	120
gaaaaagatc	tttctgctga	agagcgtctc	ttgcacgcaa	tcttcgggtga	caagtcacgt	180
gaagtacgtg	atacctctct	tcgtgtacct	cacgggtgccg	atgggtgtcgt	tcgtgatgtg	240
aaaatcttta	ctcgtgccaa	cggatgatgaa	ttgcaatcag	gtgttaacat	gttgggtcgt	300
gtttacatcg	ctcaaaaacg	taagatcaag	gtcggagata	agatggccgg	tcgtcacggg	360
aacaaggggtg	tcgttttcacg	tattgtacct	gttgaggata	tgccatatct	tccagatgga	420
acaccagttg	acatcatggt	gaacccactc	gggggtgccat	cacgtatgaa	catcgggtcag	480
gttatgggaac	ttcacttggg	tatggcgggt	cgcaacttgg	gcattccatat	cgcaacacca	540
gttttcgatg	gtgcaagttc	agaagacctc	tggtcaactg	ttaaagaagc	aggtatggac	600
tcagatgccca	agaccattct	ttacgatgga	cgtacagggtg	aaccatttga	caaccgtgta	660

GGAACAATACGAGAAAACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATCTTATCTCCGACCTTAA
TCTTACGTTTTTTGAGCGATGTAAACACGAACAAGCATGTTAACACCTGATTGCAATTCATCACC
GTTTGCACGTGTGAAGATTTTAACATCACGAACGACACCATCACCACCGTGAGGTACACGGAGT
GAGGTATCACGTACTTCACGAGATTTATCACCAAAGATAGCATGGAGAAGACGTTCTTCAGCAG
AAAGGTCTTTTTTACCCTTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTCTTTAACCTCAGC
ACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGAGCTTCTTCACCAACGTTTGGCAAT
TCACGTGTAATTTCTTCAGGTCCA

<210> 11
<211> 725
<212> ADN
<213> *Streptococcus pyogenes*

<400> 11
TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATATACATGACACCAACGGATACACGGTTGTCAAA
TGGTTACCCGGTGCGACCATCATAAAGGACCGTCTTAGCATCGCTATCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAGCCCCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTGAATACCAA
GATTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGTTCCATAACCTGACCAATATTCATCCGTGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTTCGGTCTGGAAGGTATGGCATGTCTTCAACT
GGTACAATACGTGAAACGACACCCTTGTTTCCGTGACGACCGGCCATTTTATCTCCGACCTTGA
TTTTACGTTTTTTGAGCGATGTAAACACGCACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCATCGCC
GTTAGCGCGTGTAAAGATTTTCACATCACGAACGATACCATCACCACCGTGAGGGACACGAAGT
GAGGTATCACGCACTTCACGCGATTTATCCCAAAGATGGCGTGAAGTAAACGTTCTTCAGCAG
AAAGGTCTTTTTTACCTTTAGGTGTGACTTTACCTACTAAGATGTCGCCTTCTTTAACCTCAGC
ACCGATACGGATAATGCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCTTCTTCACCAACATTTGGGATT
TCCGAGTGATTCTTCAGGGCA

<210> 12
<211> 724
<212> ADN
<213> *Streptococcus pneumoniae*

<400> 12
CAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTACATGACTCCGACAGAAAAACACGGTTATCAAACGGTT
CACCAGTACGTCCATCGTAAAGGATCGTTTTTGGCATCGCTATCCATACCTGCTTCTTTAACAGT
TGACCAAAGATCTTTCAGAACTTGCTCCATCAAAGACTGGTGTGCGGATGTGAATACCAAGAGTA
CGAGCTGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGTACCCCAA
GTGGGTTCAACATGATGTGCTGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGGTAAGGCATGTCCTTCTACAGGAAC
GATACGAGAGACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCGGCCATTTTATCTCCGACCTTAATCTTA
CGTTTTTTGAGCGATGTAAACACGAACCAACATGTTAACACCTGATTGCAACTCATCTCCATTTA
CACGTGTAAAGATCTTAACATCACGAACGACACCATCGGCACCGTGTGGTACACGAAGAGAAGT
ATCACGCACTTCACGAGACTTGTCTCAAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTTCAGCTGAAAGA
TCTTTCTCACCTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGAATATCACCTTCTTTAACCTCAGCACCAA
TACGGATAATCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCATCTTCACCAACGTTTTTGAATTTGCGG
AGTGATTTCTTCAGGTCCAA

<210> 13
<211> 740
<212> ADN
<213> *Streptococcus oralis*

tctgttggtg tcatgtacat gatcaagctt caccacatgg ttgatgaca

709

<210> 9

<211> 725

<212> DNA

<213> Streptococcus sanguinis

<400> 9

tgatcatcaac	catgtggtga	gcttaatcat	gtacatgaca	ccgacagata	cacggttgtc	60
aaacgggtca	ccggtacgtc	catcgtaaag	aatagtcttg	gcacgcgtat	ccataaccagc	120
ttcacggaca	gtatcccaga	ggtcttctga	gcttgctcca	tcaaagaccg	gtgtcgcaat	180
atggatgccc	aagttacgtg	ctgccatacc	aaggtgaagc	tccataacct	gaccaatggt	240
catacgtgat	ggtaccccca	gtgggttcag	catgatatca	actgggtgtc	cgtctggcaa	300
ataaggcatg	tcttccacag	gaacgatacg	ggatacaacc	cccttggttc	cgtgacgacc	360
agccatctta	tctccgacct	tgatcttacg	tttttgagcg	atgtagacac	gaaccaacat	420
attaacgcca	gattgcaact	catcaccatt	agcacgggta	aagatcttca	cgtcacgaac	480
cactccatca	gcaccgtgcg	gcacacgcag	agaggtatca	cggacttcac	gagacttgct	540
tccgaagata	gcgtgcaaga	ggcgtctctc	agcagaaaga	tctttttcac	ccttaggggt	600
aactttacct	acaaggatat	cgccttcctt	gacttccgcc	ccgatgcgga	taatacccat	660
ttcgtccaaa	ttgcgtaggg	catcttcccc	tacgtttgga	atttcgcggg	taattcttca	720
ggtca						725

<210> 10

<211> 728

<212> DNA

<213> Streptococcus salivarius

<400> 10

ttgtcatcaa	ccatgtgtga	agtttgatca	tgtacatgac	accaactgat	acacggttat	60
caaattggttc	acctgtacgt	ccatcgtaaa	ggattgtctt	agcatcacta	tccataacctg	120
cttcacgaac	agtatcccag	aggtcttctg	agcttgcccc	gtcaaagact	ggtggtgcca	180
tgtggatacc	caagttacga	gcagccatac	caaggtgaag	ttccataacc	tgaccgatgt	240
tcatacgtga	tggcacccca	agaggggtca	acatgataac	aactgggtga	ccgtctggaa	300
ggtaaggcat	gtcttcaaca	ggaacaatac	gagaaacaac	cccttggtta	ccgtgacgac	360
cggccatctt	atctccgacc	ttaattcttac	gtttttgagc	gatgtaaaca	cgaacaagca	420
tgtaaacacc	tgattgcaat	tcataccggt	ttgcacgtgt	gaagatttta	acatcacgaa	480
cgacaccatc	accacggtga	ggtacacgga	gtgaggtatc	acgtacttca	cgagatttat	540
cacaaagat	agcatggaga	agacgttctt	cagcagaaag	gtctttttca	cccttaggtg	600
ttaccttacc	aacaagaatg	tcaccttctt	taacctcagc	accgatacgg	ataataccca	660
tttcgtcaag	gtcttttgaga	gcttcttcac	caacgtttgg	caattcacgt	gtaatttctt	720
caggtcca						728

<210> 11

<211> 725

<212> DNA

<213> Streptococcus pyogenes

<400> 11

tgatcatcaac	catgtggtga	agtttgatca	tatacatgac	accaacggat	acacggttgt	60
caaattggttc	accggtgcca	ccatcataaa	ggaccgtctt	agcatcgcta	tccataaccag	120
cttcacgaac	agtgtcccaa	aggtcttctg	atgaagcccc	gtcaaagaca	ggtggtgcaa	180
tgtgaatacc	aagattacga	gcagccatac	caaggtgaag	ttccataacc	tgaccaatat	240
tcatecgtga	tggcacccca	agaggggtca	acatgatgtc	aactgggtgt	ccgtctggaa	300
ggtatggcat	gtcttcaact	ggtacaatac	gtgaaacgac	acccttggtt	ccgtgacgac	360
cggccatttt	atctccgacc	ttgattttac	gtttttgagc	gatgtaaaca	cgcacaagca	420
tattaacacc	tgattgcaat	tcataccggt	tagcgcgtgt	aaagattttc	acatcacgaa	480
cgataccatc	accacggtga	gggacacgaa	gtgaggtatc	acgcacttca	cgcgatttat	540
ccccaaagat	ggcgtgaagt	aaacgttctt	cagcagaaag	gtctttttca	ccttttaggtg	600
tgactttacc	tactaagatg	tcgccttctt	taacctcagc	accgatacgg	ataatgcca	660
tttcgtcaag	gtcttttgagg	gcttcttcac	caacatttgg	gatttccgag	tgattcttca	720
gggca						725

<400> 13

CAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTACATGACAACCAACTGATAACACGGTTGTCAAAACGA
CTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTTGGCATCGCTATCCATACCTGCTTCTTTAACA
GTGTCCCAAAGGTCTTCCGAACCTGCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGGATACCAAGAG
TACGGGCTGCCATACCAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGCACCCC
AAGTGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAGGCATGTCTTCTACAGGA
ACGATACGAGAGACAACCCCTTTGTTTTCCGTGACGTCCGGCCATCTTATCTCCGACCTTGATCT
TACGTTTTTGGAGCGATGTAGACACGAACCAGCATATTCACACCAGATTGCAACTCATCACCATT
TGCACGTGTAAAGATCTTAACATCACGAACGACACCATCGGCACCGTGAGGTACTCGAAGAGAA
GTATCACGCACTTCACGAGACTTGTCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGACGTTCTTCAGCAGAAA
GGTCTTTTTCACCCCTTAGGTGTGACTTTACCTACAAGGATATCTCCTTCTTTAACCTCAGCACC
AATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTAAGGGGCATCTTCATCAACGTTTTTNGNATTT
CACGATTTATTTCTCAGGGCCAACTTTTTGGGTGT

<210> 14

<211> 728

<212> ADN

<213> *Streptococcus mutans*

<400> 14

TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTAATCATATACATAACACCAACTGATACACGATTATCAAA
CGGCTCCCCTGTGCGACCATCATAAAGAACAGTTTTAGCATCAGAATCCATACCGGCTTCTTTT
ACTGTTTTCCCAAAGATCATCAGAAGTTGCTCCGTCAAAGACAGGCGTTGCAATATGAATGCCCA
AATTACGAGCAGCCATACCAAGATGGAGTTCCATAACTTGCCCAATGTTTCATCCGTGATGGCAC
CCCAAGTGGATTAAGCATGATATCAACAGGTGTTCCATCTGGAAGATATGGCATATCTTCCACT
GGTACAATACGGGAAACGACACCCTTGTTACCATGACGTCCGGCCATCTTATCTCCGACCTTGA
TTTTACGTTTTTGGAGCGATATAAACACGAACCAGCATGTAAACACCTGATTGAAGTTCATCTCC
ATTAGCACGTGTAAAGATTTTCACATCACAAACAACACCGTCGCCACCATGAGGTACACGAAGA
GAAGTATCACGAACCTTCACGTGATTTGTCAACAAAATGGCATGCAAGAGGCGTTCTTCTGCAG
AAAGATCTTTTTCTCCTTTAGGAGTCACTTTACCAACTAGAATATCACCTTCTTTAACCTCAGC
ACCAATGCGAATAATTTCCATTTTCATCAAGGTCTTTTCAGGGCATCTTCACCAACATTTGGGATT
TCACGCGTAATTTCTTCAGGTCCA

<210> 15

<211> 730

<212> ADN

<213> *Streptococcus mitis*

<400> 15

TGTCATCAACCATGTGGTGGAGTTTGATCATGTAAACATGACTCCGACAGAAAACACGGTTATCA
AATGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGGATTGTTTTGGCATCGCTATCCATACCAGCTTCTT
TAACAGTTGACCAAAGATCTTCAGAACTTGCTCCGTCAAAGACTGGTGTGCGATGTGAATACC
AAGAGTACGAGCTGCCATCCCAAGGTGGAGTTCCATAACCTGACCGATATTCATACGTGATGGC
ACCCCAAGTGGGTTCAACATGATATCGACTGGAGTTCCATCTGGAAGGTAAGGCATATCTTCTA
CAGGAACGATACGAGAGACAACCCCTTTATTTCCGTGACGTCCGGCCATCTTATCTCCGACCTT
GATCTTACGTTTTTGGAGCGATGTAGACGCGAACCAGCATGTTGACACCTGATTGCAATTCATCT
CCATTTGCACGTGTAAAGATCTTAACATCACGAACCACACCATCAGCTCCGTGTGGTACACGAA
GAGAAGTGTACGTACTTCACGAGATTATCTCCGAAGATAGCGTGCAAGAGCCGTTCTTCAGC
TGAAAGGTCTTTCTACCCCTTAGGTGTACTTTTACCCTACAAGGATATCCCTTCTTTAACCTCA
GCACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGATCTTTAAGGGCATCTTCCCCAACGTTTGGGA
TTTCACGAGTAATTTCTTCAGGTCCA

<210> 12
<211> 724
<212> DNA
<213> Streptococcus pneumoniae

<400> 12
caaccatgtg gtggagtttg atcatgtaca tgactccgac agaaaacacg gttatcaaac 60
ggttcaccag tacgtccatc gtaaaggatc gttttggcat cgctatccat acctgcttct 120
ttaacagttg accaaagatc ttcagaactt gctccatcaa agactgggtg cgcgatgtga 180
ataccaagag tacgagctgc cataccaagg tgaagctcca taacctgacc gatattcata 240
cgtgatggta cccaagtgg gttcaacatg atgtcgactg gagttccgtc tggaaagtaa 300
ggcatgtctt ctacaggaac gatacgagag acaacccctt tgtttccgtg acgtccggcc 360
attttatctc cgaccttaat cttacgtttt tgagcgtatg aaacacgaac caacatgtta 420
acacctgatt gcaactcatc tccattttaca cgtgtaaaga tcttaacatc acgaacgaca 480
ccatcggcac cgtgtggtac acgaagagaa gtatcacgca cttcacgaga cttgtctcca 540
aagatagcgt gcaagagacg ttcttcagct gaaagatctt tctcaccctt aggtgttact 600
ttacctacaa gaatatcacc ttctttaacc tcagcaccaa tacggataat cccatttcgt 660
caaggtcttt gagggcatct tcaccaacgt tttggaattt cgcgagtgat ttcttcaggt 720
ccaa 724

<210> 13
<211> 740
<212> DNA
<213> Streptococcus oralis

<220>
<221> misc_feature
<222> (698)..(700)
<223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 13
caaccatgtg gtggagtttg atcatgtaca tgacaaccaa ctgataaacac gggtgtcaaaa 60
acgactcacc tgtacgtcca tcgtaaagga ttgttttggc atcgctatcc atacctgctt 120
ctttaacagt gtcccaaagg tcttccgaac ttgctccgtc aaagactggg gttgcgatgt 180
ggataccaag agtacgggct gccataccea ggtggagtgc cataacctga cggatattca 240
tacgtgatgg caccccaagt gggttcaaca tgatatcgac tggagtcca tctggaaggt 300
aaggcatgtc ttctacagga acgatacgag agacaacccc tttgtttccg tgacgtccgg 360
ccatcttatc tccgaccttg atcttacgtt tttgagcgat gtagacacga accagcatat 420
tcacaccaga ttgcaactca tcaccatttg cactgttaaa gatcttaaca tcacgaacga 480
caccatcggc accgtgaggt actcgaagag aagtatcacg cacttcacga gacttgtctc 540
cgaagatagc gtgcaagaga cgttcttcag cagaaaggtc tttttcaccc ttaggtgtga 600
ctttacctac aaggatatct ccttctttaa cctcagcacc aatacggata ataccattt 660
tcgtcaaggt cttaaggggc atcttcatca acgttttngn atttcacgat ttatttcctc 720
agggccaaact ttttggtgtg 740

<210> 14
<211> 728
<212> DNA
<213> Streptococcus mutans

<400> 14
tgtcatcaac catgtgggtga agtttaataca tatacataac accaactgat acacgattat 60
caaacggctc cctgtgcgga ccatcataaa gaacagtttt agcatcagaa tccataccgg 120
cttcttttac tgtttcccaa agatcatcag aagttgtctc gtcaaagaca ggcgttgcaa 180
tatgaatgcc caaattacga gcagccatac caagatggag ttccataact tgcccaatgt 240
tcatccgtga tggcacccca agtggattaa gcatgatata aacagggtgtt ccatctggaa 300
gatatggcat atcttccact ggtacaatac gggaaacgac acccttggtt ccatgacgtc 360
cggccatctt atctccgacc ttgattttac gtttttgagc gatataaaca cgaaccagca 420
tgttaacacc tgattgaagt tcattctccat tagcacgtgt aaagattttc acatcacaaa 480
caacaccgtc gccaccatga ggtacacgaa gagaagtatc acgaacttca cgtgatttgt 540

<210> 16
 <211> 727
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus equinus*

<400> 16
 TGTTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTWTATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTATCAAA
 TGGTTCACCAAGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTCTTAGCGTCGCTAGCCATACCAGCTTCGTTA
 ACTGTATCCCAAAGGTCTTCAGAAGTTGCCCCATCAAAGACTGGTGTGCAATGTGAATACCA
 GGTTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACTTGTCCGATGTTTCATACGAGATGGCAC
 CCCAAGTGGGTTCACATGATATCGACTGGAGTTCCGTCTGGAAGATAAGGCATGTCTTCAACT
 GGAACAACACGAGAAACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTTTATCTCCGACTTTGA
 TTTTACGTTTTTGTGCGATATAAACACGAACGAGCATGTTAACACCTGATTGTAATTCATCACC
 GTTTCACGTTGTAAGATTTTAAACGTCACGAACGACACCATCTCCACCGTGTGGTACACGAAGT
 GATGTATCACGAACCTTCACGTGATTTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGCTCTTCAGCAG
 AAAGGTCTTTTTACCTTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGGATGTCACCTTCTTTAACTTCAGC
 ACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTAAGAGCTTCTTCACCAACGTTTGGAATT
 TCGCGAGTGATTTCTTCAGGTCA

<210> 17
 <211> 731
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus constellatus*

<400> 17
 AGTTGTTCATCAACCATGTGTGCAATTTAATCATATACATGACACCGACAGATACACGGTTGTCA
 AACGGCTCGCCCGTACGACCATCATAAAGAATCGTCTTGGCATCGCTATCCATGCCTGCTTCAC
 GAACAGTATCCCAAAGGTTCATCTGAGCTTGCTCCGTCAAATACTGGCGTTGCTATGTGGATACC
 AAGGTTGCGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCGATATTCATACGTGATGGC
 ACCCCAAGTGGGTTCACATGATGTCTACTGGTGTTCGGTCTGGAAGATAAGGCATATCCTCAA
 CTGGAACGATACGGGAAACAACCCCTTTATTTCCGTGGCGTCCGGCCATCTTATCCCCAACGCG
 GATCTTTTCGTTTTTGTGCAATGTAAACACGCACCAACATGTTGACACCAGATTGCAATTCATCA
 CCGTTCGCACGAGTAAAGATTTTACATCACGGACAACCCAGCACCACCATGTGGTACACGAA
 GAGATGTGTACGTACTTCACGAGATTTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGC
 GGATAAGTCTTTTTACCTTTTCGGCGTTACTTTACCGACAAGAATGTCGCCCTCTTTACCTCA
 GCACCAATGCGGATAATTCCTATTTTCGTCAAGGTCTCTTAGCGCATCTTCCCCAACGTTTGAA
 TTTTCGCGCGTAATTTCTTCAGGTCCAA

<210> 18
 <211> 730
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus anginosus*

<400> 18
 TTGTTCATCAACATGTGGTGGGGTGATCATGTAACATGACACCAACGGATACACGATTATCAAAT
 GGCTCACCAGTACGGCCATCATAAAGGATTGGTCTTAGCATCGCTATCCATGCCAGCTTCACGA
 ACGGTTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAGCCCCGTCAAATACTGGTGTGCAATGTGAATGCCAA
 GGTGCGAGCAGCCATACCGAGGTGAAGCTCCATAACTTGACCAATATTTCATACGAGATGGCAC
 CCCAAGTGGGTTCACATAATATCAACTGGTGTTCATCTGGAAGATACGGCATATCCTCAACT
 GGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCAGCCATCTTATCCCCAACACGGA
 TTTTCCGTTTTTGTGCGATGTAAACACGTACCAACATGTTGACACCAGATTGCAATTCATCACC
 GTTCGCACGAGTAAAGATTTTACATCACGGACAACCCCTGCACCACCATGTGGTACACGAAGG
 GAAGTATCACGTACTTCACGAGATTTATCACCGAAAATTGCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGCAG
 ATAAGTCTTTTTACCTTTTCGGTGTACTTTACCGACAAGAATGTCGCCCTTCTTTACCTCAGC

caccaaaaaat	ggcatgcaag	aggcggttctt	ctgcagaaaag	atcttttttct	ccttttaggag	600
tcacttttacc	aactagaata	tcaccttctt	taacctcagc	accaatgcga	ataattccca	660
tttcatcaag	gtctttcagg	gcattcttcac	caacatttgg	gatttcacgc	gtaatttctt	720
caggtecca						728

<210> 15
 <211> 730
 <212> DNA
 <213> Streptococcus mitis

<400> 15						
tgtcatcaac	catgtggtgg	agtttgatca	tgtaacatga	ctccgacaga	aaacacgggtt	60
atcaaatggt	tcacctgtac	gtccatcgta	aaggattggt	ttggcatcgc	tatccatacc	120
agcttcttta	acagttgacc	aaagatcttc	agaacttgct	ccgtcaaaga	ctgggtgttg	180
gatgtgaata	ccaagagtag	gagctgccat	cccaagggtgg	agttccataa	cctgaccgat	240
attcatacgt	gatggcacc	caagtgggtt	caacatgata	tcgactggag	ttccatctgg	300
aaggtaaggc	atatcttcta	caggaacgat	acgagagaca	acccctttat	ttccgtgacg	360
tccggccatc	ttatctccga	ccttgatctt	acgtttttga	gcgatgtaga	cgcgaccag	420
catgttgaca	cctgattgca	attcatctcc	atgtgcacgt	gtaaagatct	taacatcacg	480
aaccacacca	tcagctccgt	gtggtacacg	aagagaagtg	tcacgtactt	cacgagattt	540
atctccgaag	atagcgtgca	agagccgttc	ttcagctgaa	aggtctttct	cacccttagg	600
tgttacttta	cctacaagga	tatcccttcc	tttaacctca	gcaccgatac	ggataatacc	660
catttcgtca	agatcttta	gggcatcttc	cccaacgttt	gggatttcac	gagtaatttc	720
ttcaggtcca						730

<210> 16
 <211> 727
 <212> DNA
 <213> Streptococcus equinus

<400> 16						
tgtcatcaac	catgtggtga	agtttwatca	tgtacatgac	accaactgac	acacgggttat	60
caaagtgttc	accagtacgt	ccatcgtaaa	gaactgtctt	agcgctcgta	gccataaccag	120
cttcgttaac	tgtatcccaa	aggtcttcag	aagttgcccc	atcaaagact	ggtgttgcaa	180
tgtgaatacc	aaggttacga	gcagccatac	caagggtgaag	ctccataact	tgtccgatgt	240
tcatacgaga	tggcacccca	agtgggttca	acatgatatac	gactggagtt	ccgtctggaa	300
gataaggcat	gtcttcaact	ggaacaacac	gagaacaac	ccctttgtta	ccgtgacgac	360
cggccatttt	atctccgact	ttgattttac	gttttttgtgc	gatataaaca	cgaacgagca	420
tgtaaacacc	tgattgtaat	tcataccgtt	ttgcacgtgt	aaagatttta	acgtcacgaa	480
cgacaccatc	tccaccgtgt	ggtacacgaa	gtgatgtatc	acgaacttca	cgtgatttat	540
caccgaagat	tgcgtgaaga	aggcgctctt	cagcagaaaag	gtctttttca	cctttagggtg	600
ttactttacc	tacaaggatg	tcaccttctt	taacttcagc	accgatacgg	ataataacca	660
tttcgtcaag	gtctttaaga	gcttcttcac	caacgtttgg	aatttcgcga	gtgatttctt	720
cagggtca						727

<210> 17
 <211> 731
 <212> DNA
 <213> Streptococcus constellatus

<400> 17						
agttgtcatc	aaccatgtgt	gcaattttaat	catatacatg	acaccgacag	atacacgggtt	60
gtcaaacggc	tcgcccgtac	gaccatcata	aagaatcgct	ttggcatcgc	tatccatgcc	120
tgcttcaaga	acagtatccc	aaaggtcata	tgagcttgct	ccgtcaaata	ctggcggttg	180
tatgtggata	ccaagggttg	gagcagccat	accaagggtga	agctccataa	cctgtccgat	240
attcatacgt	gatggcacc	caagtgggtt	caacatgatg	tctactgggtg	ttccgtctgg	300
aagataaggc	atatcctcaa	ctggaacgat	acgggaaaca	acccctttat	ttccgtggcg	360
tccggccatc	ttatccccca	cggggatctt	tcgtttttga	gcaatgtaaa	cacgcaccaa	420
catgttgaca	ccagattgca	attcatcacc	gttcgcacga	gtaaagattt	tcacatcacg	480
gacaacccca	gcaccacat	gtggtacacg	aagagatgtg	tcacgtactt	cacgagattt	540
atcaccgaaa	attgcatgaa	gcaggcggtc	ttcagcggat	aagtcttttt	cacctttcgg	600

ACCAATGCGGATAATTCCCGTTTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATMTTCACNGACGTTTGGAATT
TCGCGCGTGATTCTTCAGGTCCAAA

<210> 19
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus dysgalactiae*

<400> 19
TGTCATCAACCATGTGGTGGAGTTTAATCATGTACATGACACCAACGGATACACGGTTGTCAAA
TGGTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGACCGTCTTAGCATCGCTATCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTGTCCCAAAGGTCTTCTGATGAAGCCCCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATGTGAATACCAA
GATTACGAGCAGCCATACCAAGGTGAAGTTCATAACCTGACCAATGTTTCATCCGTGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGAAGGTATGGCATGTCTTCAACT
GGTACAATACGTGAAACGACACCCTTGTTCCGTGACGACCAGCCATTTTATCTCCGACTTTGA
TCTTACGTTTTTTGAGCAATGTAAACACGCACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCATCGCC
GTTAGCGCGTGTAAAGATTTTACATCAGAACGATACCATCACCACCGTGAGGTACACGAAGG
GACGTATCAGAACTTCACGTGATTTATCTCCAAAGATGGCATGCAAGAGACGCTCTTCAGCAG
AAAGGTCTTTTTACCTTTAGGTGTGACTTTACCTACTAAGATGTGCGCTTCTTTAACCTCAGC
ACCGATACGGATAATTCCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGCGCTTCTTCACCAACGTTTGGAATT
TCGCGGGTGATTTCTTCAGGTCAA

<210> 20
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus bovis*

<400> 20
TGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGATACCAACAGAGACACGATTATCAAA
TGGTTCACCTGTACGACCGTCATAAAGAAGTCTTAGCGTCGCTATCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTATCCCAAAGGTCTTCTGAAGTTGCCCGTCAAAGACTGGAGTTGCAATGTGAATACCGA
GGTTACGAGCTGCCATACCAAGGTGAAGTTCATAACTTGTCCGATATTCATACGAGATGGCAC
CCCAAGAGGGTTCAACATGATATCAACTGGAGTTCGCTCTGGAAGATATGGCATGTCTTCAACA
GGAACGATACGAGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCCATTTTATCTCCGACTTTGA
TTTTACGTTTTTGTGCAATGTAAACACGAACGAGCATGTTGACACCTGATTGCAATTCATCACC
GTTAGCACGTGTGAAGATTTTAACATCAGAACACACCGTCTCCACCGTGTGGCACACGAAGT
GATGTATCACGTACTTCACGAGATTTATCACCGAAGATTGCGTGAAGAAGGCGTTCTTCAGCAG
AAAGGTCTTTTTACCTTTAGGTGTTACTTTACCTACAAGGATATCACCTTCTTTAACTTCAGC
ACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTAAGAGCTTCTTCACCAACGTTTGGAATT
TCGCGAGTGATTTCTTCAGGTCAA

<210> 21
<211> 728
<212> ADN
<213> *Streptococcus acidominimus*

<400> 21
TTGTCATCAACCATGTGGTGGAGCTTAATCATGTACATGACACCAACAGACACACGGTTATCAA
ATGGTTTACCAGTACGACCATCATAAAGAATCGTTTTAGCATCGCTGTCCATTCCTGCCTCTTT
AACAGTTGACCAGAGATCCTCTGAGCTCGCACCATCGAAAACCGGTGTTGCGATATGGATACCC
AAGTTACGAGCAGCCATACCCAAGTGCAGTTCATAACCTGACCAATATTCATACGAGATGGCA
CCCAAGTGGGTTCAACATGATGTCAACTGGTGTTCATCTGGAAGATATGGCATGTCTTCAAC

cgttacttta ccgacaagaa tgtogccctc tttcacctca gcaccaatgc ggataattcc 660
catttcgtca aggtctctta ggcacatctc cccaacgttt ggaatttcgc gcgtaatttc 720
ttcaggcca a 731

<210> 18
<211> 730
<212> DNA
<213> Streptococcus anginosus

<220>
<221> misc_feature
<222> (691)..(691)
<223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 18
ttgtcatcaa catgtggtgg ggtgatcatg taacatgaca ccaacggata cagcattatc 60
aaatgggtca ccagtacggc catcataaag gattggtctt agcatcgcta tccatgccag 120
cttcacgaac ggtttcccaa agatcatctg agctagcccc gtcaaatact ggtgttgcaa 180
tgtgaatgcc aagggtgcca gcagccatac cgagggtgaag ctccataact tgaccaatat 240
tcatacgaga tggcacccca agtgggttca acataatatc aactggtggt ccatctggaa 300
gatacggcat atcctcaact ggaacaatgc gggaaacaac ccctttgttt ccgtgacgtc 360
cagccatctt atccccaaca cggattttcc gtttttgagc gatgtaaaca cgtaccaaca 420
tgttgacacc agattgcaat tcatcacctg tcgcacgagt aaagattttc acatcacgga 480
caaccctgc accaccatgt ggtacacgaa gggaaagtac acgtacttca cgagatttat 540
caccgaaaat tgcattgaag aggcgttctt cagcagataa gtctttttca cctttcggtg 600
ttactttacc gacaagaatg tcgccttctt ttacctcagc accaatgcgg ataattcccg 660
tttcgtcaag gtctctcaaa gcatmttcac ngacgttttg aatttcgcgc gtgatttctt 720
caggtccaaa 730

<210> 19
<211> 728
<212> DNA
<213> Streptococcus dysgalactiae

<400> 19
tgtcatcaac catgtggtgg agtttaatea tgtacatgac accaacggat acacggttgt 60
caaattgggtc gccagtacgt ccatcataaa ggaccgtctt agcatcgcta tccataccag 120
cttcacgaac agtggtccaa aggtcttctg atgaagcccc gtcaaagaca ggtgttgcaa 180
tgtgaatacc aagattacga gcagccatac caagggtgaag ttccataacc tgaccaatgt 240
tcatccgtga tggcacccca agaggggttca acatgatgtc aactggtggt ccatctggaa 300
ggtatggcat gtcttcaact ggtacaatac gtgaaacgac acccttgttt ccgtgacgac 360
cagccatttt atctccgact ttgatcttac gtttttgagc aatgtaaaca cgcacaagca 420
tattaacacc tgattgcaat tcatcgccgt tagcgcgtgt aaagattttc acatcacgaa 480
cgataccatc accaccgtga ggtacacgaa gggacgtatc acgaacttca cgtgatttat 540
ctccaaagat ggcattgcaag agacgtctct cagcagaaaag gtctttttca cctttagggtg 600
tgactttacc tactaagatg tcgccttctt taacctcagc accgatacgg ataattccca 660
tttcgtcaag gtctttgagc gcttcttcac caacgttttg aatttcgcgc gtgatttctt 720
caggtcaa 728

<210> 20
<211> 728
<212> DNA
<213> Streptococcus bovis

<400> 20
tgtcatcaac catgtggtga agtttgatca tgtacatgat accaacagag acacgattat 60
caaattgggtc acctgtacga ccgtcataaa gaactgtctt agcgtcgcta tccataccag 120
cttcacgaac agtatcccaa aggtcttctg aagttgcccc gtcaaagact ggagttgcaa 180
tgtgaatacc gaggttacga gctgccatac caagggtgaag ttccataact tgtccgatat 240
tcatacgaga tggcacccca agaggggttca acatgatatc aactggagtt ccgtctggaa 300
gatatggcat gtcttcaaca ggaacgatac gagaaacaac ccctttgttt ccgtgacgac 360

TGGTACAATACGAGAAACGACACCCTTGTTACCGTGACGACCGGCCATCTTATCTCCGACCTTA
 ATCTTGCGTTTTTTGAGCGATATACACACGTACCAGCATATTAACACCAGACTGTAGCTCATCAC
 CATTAGCACGCGTAAAGATTTTCACATCACGAACAACACCATCTGCACCGTGTGGCACACGTAG
 AGAGGTATCACGTACTTCACGTGATTTGTCACCGAAGATAGCATGCAAGAGACGCTCCTCAGCA
 GAAAGATCTTTTTTACCTTTTGGTGTCACCTTACCAACAAGAATATCGCCTTCTTTAACTTCTG
 CACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCAAGGTCTTTGAGGGCTTCTTCACCAACGTTTGAAT
 TTCACGAGTAATTTCTTCAGGTCA

<210> 22
 <211> 733
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus agalactiae*

<400> 22
 TGAGTTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTA
 TCGAATGGTTTACCAGTACGACCATCATAAAGAACAGTCTTAGCATCTGAATCCATACCTGCTT
 CTTGAACAGTTTCCCAAAGGTCTTCTGAAGAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAAT
 ACCTAAATTACGAGCAGCCATACCTAAATGAAGCTCCATAACTTGTCGGATATTCATACGTGAT
 GGCACCCCAAGTGGGTTC AACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAGTAAGGCATATCTT
 CAACAGGAACAATACGTGAGACGACACCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCCATCTTATCACCGAC
 TTTGATTTTACGTTTTTTGAGCGATATAAACGCGGACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCA
 TCACCATTTGCACGAGTAAAGATTTTAACGTACGAACTACTCCATCGCCACCGTGAGGTACAC
 GTAGTGAAGTATCACGAACTTCACGTGATTTATCACCAAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTC
 AGCAGATAAGTCCTTTTACCCTTAGGTGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTTTACC
 TCAGCACCAATGCGGATAATTCCCATTTTCATCGAGATCACGTAGTGAATCTTCACCAACATTTT
 GGATTTACGAGTAATTTCTTCAGGTCCA

<210> 23
 <211> 714
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus difficilis*

<400> 23
 TTGTCATCAACCATGTGGTGAAGTTTGATCATGTACATGACACCAACTGACACACGGTTATCGA
 ATGGTTTACCAGTATGACCATCATAAAGAACAGTCTTAGCATCTGAATCCATACCTGCTTCTTG
 AACAGTTTCCCAAAGGTCTTCTGAAGAAGCCCCATCAAAGACTGGCGTTGCAATATGAATACCT
 AAATTACGAGCAGCCATACCTAAATGAAGCTCCATAACTTGTCCGATATTCATACGTGATGGCA
 CCCCAGTGGGTTC AACATGATATCAACTGGCGTTCCATCTGGTAAATAAGGCATATCTTCAAC
 AGGAACAATACGTGAGACGACACCTTTGTTTCCGTGACGACCGGCCATCTTATCACCGACTTTG
 ATTTTACGTTTTTTGAGCGATATAAACGCGGACAAGCATATTAACACCTGATTGCAATTCATCAC
 CATTTGCACGAGTAAAGATTTTAACGTACGAACTACTCCATCGCCACCGTGAGGTACACGTAG
 TGAAGTATCACGAACTTCACGTGATTTATCACCAAAAATGGCATGCAAGAGACGTTCTTCAGCA
 GATAAGTCCTTTTACCCTTAGGCGTTACCTTACCAACAAGAATGTCACCTTCTTTTACCTCAG
 CACCAATGCGGATAATTCCCATTTTCATCGAGATCACGTAGTGAATCTTCACCAACATTTGGAAT
 TTCACGAGTA

<210> 24
 <211> 728
 <212> ADN
 <213> *Streptococcus intermedius*

<400> 24
 TGTCATCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATGTACATGACACCAACGGACACACGGTTATCAAA
 CGGTTTCGCCAGTACGTCCATCATAAAGGATTGTCCTTAGCATCGCTATCCATACCTGCTTCACGA

cggccatttt	atctccgact	ttgattttac	gtttttgtgc	aatgtaaaca	cgaacgagca	420
tgttgacacc	tgattgcaat	tcataccggt	tagcacgtgt	gaagatttta	acatacagaa	480
caacaccgtc	tccaccgtgt	ggcacacgaa	gtgatgtatc	acgtacttca	cgagattttat	540
caccgaagat	tgcgtgaaga	aggcgttctt	cagcagaaag	gtctttttca	ccttttaggtg	600
ttactttacc	tacaaggata	tcacottctt	taacttcage	accgatacgg	ataataccca	660
tttcgtcaag	gtcttttaaga	gcttcttcac	caacgttttg	aatttcgcga	gtgattttctt	720
caggtcaa						728

<210> 21

<211> 728

<212> DNA

<213> Streptococcus acidominimus

<400> 21

ttgtcatcaa	ccatgtggtg	gagcttaatc	atgtacatga	caccaacaga	cacacggtta	60
tcaaattggtt	caccagtagc	accatcataa	agaatcgttt	tagcatcgct	gtccattcct	120
gcctctttta	cagttgacca	gagatcctct	gagctcgcac	catcgaaaac	cggtgttgcg	180
atatggatac	ccaagttacg	agcagccata	cccaagtga	gttcataaac	ctgaccaata	240
ttcatagcag	atggcacccc	aagtgggttc	aacatgatgt	caactgggtg	tccatctgga	300
agatatggca	tgtcttcaac	tggtacaata	cgagaaacga	cacccttggt	accgtgacga	360
cgggccatct	tatctccgac	cttaatcttg	cgtttttgag	cgatatacac	acgtaccagc	420
atattaacac	cagactgtag	ctcatcacca	ttagcacgcg	taaagatttt	cacatcacga	480
acaacacccat	ctgcaccgtg	tggcacacgt	agagaggtat	cacgtacttc	acgtgatttg	540
tcaccgaaga	tagcatgcaa	gagacgctcc	tcagcagaaa	gatctttttc	accttttggt	600
gtcaccttac	caacaagaat	atcgcccttc	ttactttctg	caccgatacg	gataataccc	660
atcttcgtcaa	ggtcttttgag	ggcttcttca	ccaacgtttg	gaatttcacg	agtaatttct	720
tcaggtca						728

<210> 22

<211> 733

<212> DNA

<213> Streptococcus agalactiae

<400> 22

tgagttgtca	tcaaccatgt	ggtgaagttt	gatcatgtac	atgacaccaa	ctgacacacg	60
gttatcgaat	ggttcaccag	tacgaccatc	ataaagaaca	gtcttagcat	ctgaatccat	120
acctgcttct	tgaacagttt	cccaaaggtc	ttctgaagaa	gccccatcaa	agactggcgt	180
tgcaatatga	atacctaaat	tacgagcagc	catacctaaa	tgaagctcca	taacttgtcc	240
gatattcata	cgtgatggca	cccaaagtgg	gttcaacatg	atatcaactg	gcgttccatc	300
tggttaagtaa	ggcatatctt	caacaggaac	aatacgtgag	acgacacctt	tgtttccgtg	360
acgaccggcc	atcttatcac	cgactttgat	tttacgtttt	tgagcgatat	aaacgcggac	420
aagcatatta	acacctgatt	gcaattcatc	accatttgca	cgagtaaaga	ttttaacgtc	480
acgaactact	ccatcgccac	cgtgaggtac	acgtagtga	gtatcacgaa	cttcacgtga	540
tttatcacca	aaaatggcat	gcaagagacg	ttcttcagca	gataagtoct	tttcacctt	600
agggtgttacc	ttaccaacaa	gaatgtcacc	ttcttttacc	tcagcaccaa	tgcggataat	660
tcccatttca	tcgagatcac	gtagtgaatc	ttcaccaaca	ttttggattt	cacgagtaat	720
ttcttcaggt	cca					733

<210> 23

<211> 714

<212> DNA

<213> Streptococcus difficilis

<400> 23

ttgtcatcaa	ccatgtggtg	aagtttgatc	atgtacatga	caccaactga	cacacggtta	60
tcgaatgggtt	caccagtatg	accatcataa	agaacagtct	tagcatctga	atccatacct	120
gcttcttgaa	cagtttccca	aaggctcttct	gaagaagccc	catcaaagac	tggcggttga	180
atatgaatac	ctaaattacg	agcagccata	cctaaatgaa	gtcccataac	ttgtccgata	240
ttcatagctg	atggcacccc	aagtgggttc	aacatgatat	caactggcgt	tccatctggt	300
aaataaggca	tatcttcaac	aggaacaata	cgtgagacga	cacctttggt	tccgtgacga	360
cgggccatct	tatcacgcac	tttgatttta	cgtttttgag	cgatataaac	gcggacaage	420

ACGGTTTCCCAAAGATCATCTGAGCTAGCTCCGTCAAAGACTGGCGTTGCAATGTGGATACCAA
 GGTGCGAGCAGCCATACCGAGGTGCAATTCCTAATCTGTCCGATATTCATACGTGACGGCAC
 CCAAAGAGGATTCAACATGATATCAACTGGTGTCCCGTCTGGAAGATACGGCATATCCTCAACT
 GGAACAATGCGGGAAACAACCCCTTTGTTTCCGTGGCGTCCGGCCATCTTATCTCCAACGCGGA
 TTTTCCGTTTTTGGAGCGATATAAACACGTACCAACATGTTGACACCGGATTGCAATTCATCACC
 GTTCGCACGAGTAAAGATTTTACATCACGGACAACACCTGCACCACCGTGTGGTACACGAAGG
 GAGGTATCACGCACTTCACGAGACTTATCACCAGAAATGTCATGAAGCAGGCGTTCTTCAGCGG
 ATAAATCTTTTACCTTTTCGGCGTTACTTTTACCGACAAGAATGTCGCCCTTCTTTTACCTCAGC
 ACCAATGCGGATAATTCCCATCTCGTCAAGGTCTCTCAAAGCATCTTCCCCGACGTTTGAATT
 TCGCGCGTGATTTCTTCAGGTCCA

<210> 25

<211> 728

<212> ADN

<213> *Streptococcus equi*

<400> 25

TGTCATCAACCATGTGGTGAAGCTTAATCATATACATGACACCAACTGACACACGATTAT
 CAAACGGCTCACCAGTACGGCCATCATAAAGAACAGTCTTAGCATCGCTATCCATACCTG
 CTTCACGAACAGTTTCCCAAAGGTCCCTCAGACGTAGCTCCGTCAAAGACCGGTGTTGCGA
 TATGGATACCCAAATTACGAGCAGCCATACCTAGGTGAAGCTCCATAACCTGTCCAATGT
 TCATACGAGACGGCACCCCAAGAGGGTTTCAGCATGATGTCAACAGGGGTTCCGTCTGGCA
 GATATGGCATATCCTCAACCGGTACAATACGTGAGACGACACCCTTGTTACCATGACGCC
 CGGCCATTTTATCTCCGACCTTGATTTTACGCTTTTGGAGCAATGTAAACACGCACCAGCA
 TATTAACACCTGATTGAAGCTCATCACCATTTCGCGGTGTAAAGATCTTCACATCACGTA
 CAATCCCGTCACCACCATGAGGAACACGTAACGAGGTATCACGAACCTCACGTGATTTAT
 CACCAAAGATAGCATGCAGGAGACGTTCTTCAGCAGAAAGGTCTTTTTCACCCCTTAGGAG
 TTACCTTACCAACAAGAATATCGCCTTCCTTGACCTCTGCACCGATACGGATAATACCCA
 TTTTCATCAAGGTCCTTGAGGGCTTCTTCACCAACGTTTGGCACTTCACGTGTGATTTCTT
 CAGGTCCA

<210> 26

<211> 718

<212> ADN

<213> *Enterococcus gallinarum*

<400> 26

TCATCAACCATGTGGGCCAATTTGATCATATACATGACACCTACGGAGATTTCGACCATCAAATG
 GTTCTCCAGTACGGCCATCATAAAAACGGTTTGGCGTCGCTAGCCATGCCGGCTTCTGCAAC
 TGTGCCCAGACATCTTCATCGCTGGCACCATCAAAGACTGGTGTAGCCACGTGGATTCTTAAT
 TGGCGGGCAGCCATTCCTAAGTGTAAATTCCTAATACTTGTCCAATGTTTCATCCGTGAAGGCACC
 CTAATGGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTTCTGG
 CATAATGCGAGAAACGACCCCTTTATTTCCGTGACGGCCGGCCATTTTATCCCCCTTCATGGATT
 TTCCGTTTTTTGAACGATATACACGCGAACGAGCATATTGACACCTGGTGACAATTCATCGCCAG
 CTTTCGCGGGTAAAGATTTTACATCATGGACGATTCCGCCACCACCGTGAGGTACGCGCAGAGA
 AGTATCGCGGACTTCGCGGGCTTTTTCACCAAAGATTGCATGAAGCAAGCGTTCTTCTGCAGAT
 ASTTCCGTTACCCCTTYAKGCGTTACTTTACCAACCANCAGATCGCCATCTTTGACTTCCGCAN
 CAATGCGNNNNNNNNNNCTTNNNCAAANCNTTCAATGCGTCTTCCCGACATTTCGGGATTCACGA
 GTGATTCTCAGTCA

<210> 27

<211> 727

<212> ADN

<213> *Enterococcus casseliflavus*

atattaacac ctgattgcaa ttcataacca tttgcacgag taaagatttt aacgtcacga 480
 actactccat cgccaccgtg aggtacacgt agtgaagtat cacgaacttc acgtgattta 540
 tcacaaaaaa tggcatgcaa gagacgttct tcagcagata agtccttttc acccttaggc 600
 gttaccttac caacaagaat gtcaccttct tttacctcag caccaatgcg gataattccc 660
 atttcatega gatcacgtag tgaatcttca ccaacatttg gaatttcacg agta 714

<210> 24
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> Streptococcus intermedius

<400> 24
 tgtcatcaac catgtggtga agcttaataca tgtacatgac accaacggac acacggttat 60
 caaacgggttc gccagtacgt ccatcataaa ggattgtctt agcatcgcta tccatacctg 120
 cttcacgaac ggtttcccaa agatcatctg agctagctcc gtcaaagact ggcgttgcaa 180
 tgtggatacc aagggttgca gcagccatac cgaggtgcaa ttcataaact tgtccgatat 240
 tcatacgtga cggcacccca agaggattca acatgatatc aactgggtgc cegtctggaa 300
 gatacggcat atcctcaact ggaacaatgc gggaaacaac ccctttgttt cegtggcgctc 360
 cggccatctt atctccaacg cggattttcc gtttttgagc gatataaaca cgtaccaaca 420
 tgttgacacc ggattgcaat tcatacccggt tcgcacgagt aaagattttt acatcacgga 480
 caacacctgc accaccgtgt ggtacacgaa gggagggtatc acgcacttca cgagacttat 540
 caccaaaaat tgcatagaagc aggcgttctt cagcggataa atcttttttca ccttcggcg 600
 ttacttttacc gacaagaatg tcgccttctt ttacctcagc accaatgctgg ataattccca 660
 tctcgtcaag gtctctcaaa gcactctccc cgacgttttg aatttcgcgc gtgattttctt 720
 caggtcca 728

<210> 25
 <211> 728
 <212> DNA
 <213> Streptococcus equi

<400> 25
 tgtcatcaac catgtggtga agcttaataca tatacatgac accaactgac acacgattat 60
 caaacgggttc accagtacgg ccatcataaa gaacagtctt agcatcgcta tccatacctg 120
 cttcacgaac agtttcccaa aggtcctcag acgtagctcc gtcaaagacc ggtggtgca 180
 tatggatacc caaattacga gcagccatac ctagggtgaag ctccataaacc tgtccaatgt 240
 tcatacagaga cggcacccca agagggttca gcatgatgtc aacagggggtt cegtctggca 300
 gatattggcat atcctcaacc ggtacaatac gtgagacgac acccttggtta ccatgacgcc 360
 cggccatttt atctccgacc ttgattttac gcttttgagc aatgtaaaca cgcaccagca 420
 tattaacacc tgattgaagc tcatacccat ttgcgcgtgt aaagatcttc acatcacgta 480
 caatcccgtc accaccatga ggaacacgta acgagggtatc acgaacctca cgtgatttat 540
 caccaaagat agcatgcagg agacgttctt cagcagaaag gtcttttttca cccttaggag 600
 ttaccttacc aacaagaata tcgccttctt tgacctctgc accgatacgg ataataccca 660
 tttcatcaag gtccttgagg gcttcttcaac caacgttttg cacttcacgt gtgattttctt 720
 caggtcca 728

<210> 26
 <211> 718
 <212> DNA
 <213> Enterococcus gallinarum

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (614)..(670)
 <223> n représente a, t, c, g ou i

<400> 26
 tcataacca tgtgggcaaa tttgatcata tacatgacac ctacggagat tcgaccatca 60
 aatgggttctc cagtacggcc atcatataaa acggtttttg cgtcgctagc catgccggct 120
 tctgcaactg ttgccagac atcttcatcg ctggcaccat caaagactgg tgtagccacg 180
 tggattccta attggcgggc agccattcct aagtgttaatt ccaatacttg tccaatgttc 240

<400> 27

TGTCATCAACCATGTGGGCCAATTTGATCATGTACATGACACCAACGGAGATGCGGCCATCAAA
 TGGTTTCGCCGGTACGTCCGTCGTAAAGCACTGTTTTGGCATCGCTGGCCATTCTTGCTTCAGCA
 ACCGTTGCCCAAACATCTTCATCGCTGGCTCCATCAAAGACTGGTGTGGCCACGTGAATGCCTA
 ATTGACGCGCAGCCATTCTTAAGTGTAACCTAATACTTGTCCAATGTTTCATCCGAGAAGGTAC
 CCCTAATGGGTTTCAGCATGATATCGACTGGTGTGCCATCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTTCT
 GGCATAATGCGAGAAACGACCCCTTTGTTTCCGTGACGTCCGGCCATTTTATCCCCCTTCATGGA
 TTTTCCGTTTTTTGAACGATATAAACGCGAACCAGCATGTTTACACCTGGTGACAATTCATCGCC
 AGCTTCGCGGGTAAAGATTTTGACATCGTGGACGATTCCGCCGCCCGGTGAGGCACGCGTAGA
 GAAGTGTACGCACTTCGCGGGCTTTTTTCAACAAAGATTGCGTGCAACAAACGCTCTTCTGCTG
 AAAGTTCCGTTACCCCTTTTGGCGTGACTTTCCCAACAAGCAGATCGCCATCTTTGACTTCCGC
 ACCAATGCGGATAATGCCCATTTTCGTCTAGGTCTTTCAACGCGTCTTCCCAACGTTTCGGGATT
 CGCGAGTGATTCTTCAGGTCCA

<210> 28

<211> 721

<212> ADN

<213> *Enterococcus saccharolyticus*

<400> 28

TGTCATCAACCATGTGGGCAAGTTTAATCATGTACATTACCCCAACAGAGATACGACCATCGAA
 TGGTTCACCCGTACGTCCGTCATAAAGAACAGTTTTTCGCATCGCGCGCCATGCCCCGCTTCGCGA
 ACTGTTTTCCCATACGTTCATCATCTGATGCACCATCAAATACTGGTGTAGCTACATGGATGCCTA
 ACTGACGTGCAGCCATCCCTAAGTGTAATTTCAATACTTGTCCGATGTTTCATACGAGATGGTAC
 TCCTAGTGGGTTCAACATGATATCAACTGGTGTGCCGTCTGGTAAGAATGGCATGTCTTCTTCT
 GGCATAATGCGAGAGACAACCCCTTTGTTACCATGACGTCCCGCCATTTTATCTCCTTCGTGAA
 TCTTACGTTTTTTGCACGATATAAACACGAACATAACATGTTTACACCTGGAGATAATTCGTGCGC
 TGCTTCACGGGTAAAGATTTTAACATCGTGAACGATACCGCCACCGCCGTGAGGAACACGTAAT
 GATGTATCAGTACTTCACGTGCTTTTTTACCGAAGATTGCGTGCAATAGACGTTCTTCTGCGAG
 ATAATTCCGTTACCCCTTTAGGAGTGACTTTACCTACTAATAAGTCGCCATCTTGTACTTCCGC
 ACCGATACGGATAATACCCATTTTCGTCTAAGTCTTTTAATGCGTCTTCCCCAACGTTAGGAATT
 TCGCGTGTATTCTTCAG

<210> 29

<211> 727

<212> ADN

<213> *Enterococcus faecium*

<400> 29

TGTCATCAACCATGTGAGCAAGTTTGATCATGTACATCACACCGACAGACACAGTCCATCAAA
 TGGTTCACCTGTACGTCCGTCGTACAGAACAGTTTTTCGCATCGCTGGCCATACCGGCTTCACGA
 ACTGTTTTCCCATACGTCTTCATCACTTGCACCATCAAATACTGGCGTTGCTACGTGGATACCTA
 ACTGACGTGCAGCCATACCCAAGTGTAATTTCAATACTTGCCCGATGTTTCATACGTGAAGGCAC
 CCCTAAAGGATTTCAGCATGATATCGATTGGTGTTCATCAGGTAGGAATGGCATATCTTCTTCC
 GGCATAATACGGGATAACCCCTTTATTTCCGTGACGACCGGCCATTTTATCCCCCTTCATGGA
 TTTTACGTTTTTTGAACGATATAAACACGAACATAACATGTTTACGCCTGGTGACAATTCATCTCC
 AGCTTCACGAGTAAAGATTTTTCACATCGTGAACGATACCGCCGCCCGCATGTGGTACACGTAAT
 GATGTATCGCGGACTTCACGAGCTTTTTTCGCCAAAGATCGCATGCAATAGACGTTCTTCTGCGAG
 ATAATTCTGTTACCCCTTTTGGCGTGACTTTCCCTACAAGCAAATCGCCATCTTGGACTTCTGC
 ACCAATACGGATGATACCCATTTTCGTCTAAATCTTTTAATGCGTCTTCCCGACATTAGGGATT
 CGCGTGTGATTCTTCAGGTCCA

atccgtgaag	gcacccctaa	tgggttcaac	atgatataca	ctggtgtacc	gtctggtaag	300
aaaggcatgt	cttcttctgg	cataatgoga	gaaacgaccc	ctttatttcc	gtgacggccg	360
gccattttat	ccccttcatg	gattttccgt	ttttgaacga	tatacacgcg	aacgagcata	420
ttgacacctg	gtgacaattc	atcgccagct	tcgcggttaa	agattttcac	atcatggacg	480
attccgccac	caccgtgagg	tacgcgcaga	gaagtatcgc	ggacttcgcg	ggctttttca	540
ccaaagattg	catgaagcaa	gcgttcttct	gcagatastt	ccgttacccc	ttyakgcgtt	600
actttaccaa	ccancagatc	gccatctttg	acttccgcan	caatgcgnnn	nnnnnnnctt	660
nnncaaancn	ttcaatgcgt	cttcccgcga	ttcgggatcc	acgagtgatt	ctcagtca	718

<210> 27

<211> 727

<212> DNA

<213> *Enterococcus casseliflavus*

<400> 27

tgtcatcaac	catgtggggc	aatttgatca	tgtacatgac	accaacggag	atgcggccat	60
caaatgggtc	gccggtacgt	ccgtcgtaaa	gcactgtttt	ggcatcgctg	gccatttcctg	120
cttcagcaac	cgttgcccaa	acatcttcat	cgctggctcc	atcaaagact	ggtgttgcca	180
cgtgaatgcc	taattgacgc	gcagccattc	ctaagtgtaa	ctctaatact	tgtccaatgt	240
tcataccgaga	aggtaccctt	ggcataatgc	gcatgatatc	gactgggtgtg	ccatctggta	300
agaaaggcat	gtcttcttct	ggcataatgc	gagaaacgac	ccctttgttt	ccgtgacgtc	360
cggccatttt	atccccctca	tggattttcc	gtttttgaac	gatataaacg	cgaaccagca	420
tgttcacacc	tggtgacaat	tcacgcccag	cttcgcggtt	aaagattttg	acatcggtga	480
cgattccgcc	gccgccgtga	ggcacgcgta	gagaagtgtc	acgcacttcg	cgggcttttt	540
caccaaagat	tgcgtgcaac	aaacgctctt	ctgctgaaag	ttccgttacc	ccttttggtg	600
tgactttccc	aacaagcaga	tcgccatctt	tgacttccgc	accaatgcgg	ataatgccc	660
tttcgtctag	gtctttcaac	gcgtcttccc	aacgttcggg	atttcgcgag	tgattttctt	720
aggtcca						727

<210> 28

<211> 721

<212> DNA

<213> *Enterococcus saccharolyticus*

<400> 28

tgtcatcaac	catgtgggca	agtttaataca	tgtacattac	cccaacagag	atacgaccat	60
cgaatgggtc	acccgtacgt	ccgtcataaa	gaacagtttt	cgcacgcgcg	gccatgcccg	120
cttcgcgaac	tgtttcccat	acgtcatcat	ctgatgcacc	atcaaatact	ggtgtagcta	180
catggatgcc	taactgacgt	gcagccatcc	ctaagtgtaa	ttccaatact	tgtccgatgt	240
tcatacgaga	tggtactcct	agtggtttca	acatgatatc	aactgggtgtg	ccgtctggta	300
agaatggcat	gtcttcttct	ggcataatgc	gagagacaac	ccctttgtta	ccatgacgtc	360
ccgccatttt	atctccttcg	tgaatcttac	gtttttgcac	gatataaaca	cgaactaaca	420
tgttcacacc	tggagataat	tcgtcgccctg	cttcacgggt	aaagatttta	acatcggtga	480
cgataccgcc	accgccgtga	ggaacacgta	atgatgtatc	acgtacttca	cgtgcttttt	540
caccgaagat	tgcgtgcaat	agacgttctt	ctgcagataa	ttcgggttacc	cctttaggag	600
tgactttacc	tactaataag	tcgccatctt	gtacttcggc	accgatacgg	ataataccca	660
tttcgtctaa	gtcttttaat	gcgtcttccc	caacgttagg	aatttcgcgt	gtattcttca	720
g						721

<210> 29

<211> 727

<212> DNA

<213> *Enterococcus faecium*

<400> 29

tgtcatcaac	catgtgagca	agtttgatca	tgtacatcac	accgacagac	acacgtccat	60
caaatgggtc	acctgtacgt	ccgtcgtaaa	gaacagtttt	cgcacgcgtg	gccataccgg	120
cttcacgaac	tgtttcccat	acgtcttcat	cacttgcacc	atcaaatact	ggcgttgcta	180
cgtggatacc	taactgacgt	gcagccatac	ccaagtgtaa	ttccaatact	tgcccgatgt	240
tcatacgtga	aggcaccctt	aaaggattca	gcatgatatc	gattgggtgtt	ccatcaggta	300
ggaatggcat	atcttcttcc	ggcataatac	gggatacaac	ccctttattt	ccgtgacgac	360

<210> 30
<211> 724
<212> ADN
<213> *Enterococcus faecalis*

<400> 30
TGTCATCAACCATGTGGGCTAATTTAATCATATACATGACACCAACGGAAATACGGTTATCAAA
TGGTTCACCTGTACGTCCATCGTAAAGAACTGTTTTAGCATCGCTAGCCATACCAGCTTCACGA
ACAGTTTCCCAAACGCTCTTCATCGGTTGCCCCATCGAAAACAGGTGTTGCGACGTGAATACCTA
ATTGGCGAGCAGCCATACCTAAGTGTAAATCAAGTACTTGTCCGATATTCATACGAGAAGGTAC
CCCTAATGGGTTCAACATGATATCAACAGGTGTTCCGTCAGGTAAGAATGGCATATCTTCTTCC
GGCATAATACGGGAAACAACCCCTTTATTTCCGTGACGTCCCGCCATTTTATCTCCTTCGTGAA
TTTTACGTTTTTGAACGATATAGACACGAACATAACATGTTGACACCTGGTGATAATTTCATCGCC
AGCTTCACGAGTAAAGATTTTCACATCATGAACGATACCGCCGCCACCGTGAGGTACACGGAGA
GACGTATCACGAACCTCGCGGGCTTTTTCCCGAAGATTGCGTGTAATAACGTTCTTCTGCAG
ATAATTCTGTGACCCCTTTAGGTGTGACTTTCCCAACTAGTAAGTCGCCATCTTGAACCTTCAGC
ACCAATGCGGATAATCCCATTTTCGTCTAAGTCTTTCAACGCGTCTTCCCAACGTTTGGAATTT
CACGGGTATTTCTTCAGGTCA

<210> 31
<211> 570
<212> ADN
<213> *Enterococcus avium*

<400> 31
GTCCATCATAAAGAACGGTCTTAGCATCTGCTGCCATACGAGCTTCACGAACGTGTTTCCC
AAACATCGCTATCTTGCGCACCATCGAAGACTGGTGTCGCAACATGGATACCTAGTTGGC
GAGCCGCCATTCCCAAGTGTAATTCGAACACTTGTCCGATGTTTCATCCGAGATGGCACAC
CTAATGGGTTCAACATGATATCAACTGGCGTACCGTCTGGTAAGAAAGGCATGTCTTCTT
CTGGCATAATGCGAGAAACGACCCCTTTATTTCCGTGACGGCCGGCCATTTTATCCCTT
CATGAATCTTACGTTTTTGACGATGTACACGCGCACTAACATATTTACACCTGGAGATA
ATTTCATCGCCTGCTTCACGAGTAAAGATCTTACATCGTGAACGATCCCGCCGCCACCAT
GCGGTACACGAAGAGATGTATCACGAACCTTCACGAGCCTTTTACCAAAGATCGCATGCA
ACAAACGTTCTTCAGCTGATAATCTGTATCCCTTTAGGAGTGACTTTACCAACTAATA
AATCACCATCATGAACCTTCAGCACCAATAC

<210> 32
<211> 732
<212> ADN
<213> *Abiotrophia defectiva*

<400> 32
GAAGTTGTCATCAACCATGTGGGCCAACTTAATCATGTACATAACCCCAACAGAGACTTTACGG
TCAAATGGTTTACCAGGTTTCGACCATCATATAAGATAGTCTTAGCGTCAGCTTCTAAGCCGGCTT
CCTTAACGTGTTTCCAGACATCTTCTTCACTAGCACCGTCAAAGACAGGTGTTGCAATCTTGAT
GCCCATTTTCGCGAGCAGCCATCCCCAAGTGTAACCTAGGACTTGCCCGATGTTTCATACGGGAT
GGAACCCCTAATGGGTTCAACATGATATCAACTGGGGTACCATCTGGTAAGAATGGCATATCTT
CTTCCGGCATGATAAGGGAGACAACCCCTTTGTTACCGTGACGACGGCCATCTTATCCCTTTC
ATTGATTTTACGTTTTTGTACGATGTAGACGCGGACTAGCTTGTTGACACCTGGTGCCAATTCG
TCGCCAGCTTCGCGGGTAAAGATTTTAAACGTCGTGGACAATCCCGCCCCCGCGTGTGGCACAC
GCAAGGAAGTATCACGTACTTCACGCGCCTTCTCACCAGATAGCATGGAGCAAGCGTTCTTC
CGCAGACAACCTCGGTACACCTTTTGGTGTTACCTTACCAACTAAGATATCGCCGTCTTTTACT
TCCGCCCCGATACAGATAATCCCGTCTTGGTCTAAGTACTTGAGGGCATCTTCGGACACGTTTG
GAATTTTCGCGTGTAATTTCTTCAGGTCA

eggccatttt	atcccccttca	tggatttttac	gtttttgaac	gatataaaca	cgaactaaca	420
tgtttacgcc	tgggtgacaat	tcattctccag	cttcacgagt	aaagattttc	acatcgtgaa	480
cgataccgcc	gccgccatgt	ggtacacgta	atgatgtatc	gcggacttca	cgagcttttt	540
cgccaaagat	cgcatgcaat	agacgtttct	ctgcagataa	ttctgttacc	ccttttggcg	600
tgactttccc	tacaagcaaa	tcgccatctt	ggactttctgc	accaatacgg	atgataccca	660
tttcgtctaa	atctttttaat	gcgtcttccc	gacattaggg	atttcgcgtg	tgattttctt	720
agggtcca						727

<210> 30
 <211> 725
 <212> DNA
 <213> *Enterococcus faecalis*

<400> 30	
tgtcatcaac	catgtgggct aatttaataca tatacatgac accaacggaa atacggttat 60
caaattgggtc	acctgtacgt ccacgtgaaa gaactgtttt agcatcgcta gccataccag 120
cttcacgaac	agtttcccaa acgtcttcat cgggtgcccc atcgaaaaca ggtgttgcca 180
cgtgaatacc	taattggcga gcagccatac ctaagtgtaa ttcaagtact tgtccgatat 240
tcatacgaga	aggtaccctt aatgggttca acatgatatc aacaggtgtt ccgtcaggta 300
agaatggcat	atcttcttcc ggcataatac gtttttgaac gatatagaca cgaactaaca 420
ccgccatttt	atctccttcg tgaattttac gtttttgaac gatatagaca cgaactaaca 480
tggttgacacc	tgggtgataat tcacgtccag cttcacgagt aaagattttc acatcatgaa 540
cgataccgcc	gccaccgtga ggtacacgga gagacgtatc acgaacttcg cgggcttttt 600
ccccgaagat	tgctgtgtaat aaacgtttct ctgcagataa ttctgtgacc ctttaggtg 660
tgactttccc	aactagtaag tcgccatctt gaacttcagc accaatgcgg ataatcccca 720
tttcgtctaa	gtcttttcaac gcgtcttccc aacgtttgga atttcacggg tatttcttca 725
ggtcca	

<210> 31
 <211> 570
 <212> DNA
 <213> *Enterococcus avium*

<400> 31		
gtccatcata	aagaacgggtc ttagcatctg ctgccatacg agcttcacga actgtttccc 60	
aaacatcgct	atcttgcgca ccacgtgaaga ctgggtgtcgc aacatggata cctagttggc 120	
gagccgccat	tcccaagtgt aattccaaca ctgtgtccgat gttcatccga gatggcacac 180	
ctaattgggtt	caacatgata tcaactggcg taccgtctgg taagaaaggc atgtcttctt 240	
ctggcataat	gcgagaaacg acccctttat ttccgtgacg gccggccatt ttatccccctt 300	
catgaatctt	acgtttttgc acgatgtaca cgcgcactaa catatttaca cctggagata 360	
attcatcgcc	tgcttcacga gtaaagatct aacgatcccg ccgccaccat 420	
gcggtacacg	aagagatgta tcacgaactt cagagacctt ttcaccaaag atcgcatgca 480	
acaaacgttc	ttcagctgat aattctgtta cccctttagg agtgacttta ccaactaata 540	
aatcaccatc	atgaacttca gcaccaatac	570

<210> 32
 <211> 732
 <212> DNA
 <213> *Abiotrophia defectiva*

<400> 32	
gaagtgtgtc	tcaaccatgt gggccaactt aatcatgtac ataaccceaa cagagacttt 60
acgggtcaaat	ggttcaccgg ttcgaccatc atataagata gtcttagcgt cagcttctaa 120
gccggcttcc	ttaactgttt ccagacatc ttcttcaacta gcaccgtcaa agacaggtgt 180
tgcaatcttg	atgcccattt cgcgagcagc catccccaaag tgtaactcta ggacttgccc 240
gatgttcata	cgggatggaa cccctaattg gttcaacatg atatcaactg ggggtaccatc 300
tggttaagaat	ggcatatctt cttccggcat gataagggag acaaccctt tgttacggtg 360
acgaccggcc	atcttatccc cttcattgat tttacgtttt tgtacgatgt agacggggac 420
tagcttggtg	acacctgggt ccaattcgtc gccagcttgc cgggtaaaga ttttaacgtc 480
gtggacaatc	ccgccccgcg cgtgtggcac acgcaaggaa gtatcacgta cttcacgcgc 540
cttctcaccg	aagatagcat ggagcaagcg ttcttccgca gacaactcgg tcacaccttt 600

<210> 33
 <211> 727
 <212> ADN
 <213> *Gemella morbilorum*

<400> 33
 TGTCATCAACCATGTGTGCAAGTTTATCATGTACATTACCCCTACAGATACACGGCTATCAAAAT
 GGCTCACCTGTACGTCCGTCATAAAGAACTGTCTTAGCATCTTTAGCCATTCCAGCTTCCGCAA
 CTGTAGACCAAACATCTTCATCAGTAGCACCATCGAATACTGGTGTAGCTACGTGGATTCCAAG
 TTGTTTAGCAGCCATACCTAAGTGTAGCTCTAATACTTGTCCAATGTTTCATACGAGATGGAACC
 CCAAGTGGGTTTAAACATTACGTCAACTGGTGTACCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCTTCTG
 GTAAGATATTTGAGATAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTTTATCTCCTACACGAAT
 TTTACGTTTTTGGACGATAAAATACACGAACAAGTTCATTTACACCGTTAGGTAATTCAGCACCA
 TCTTCACGTTTAAAGATTTTAAACATCAGCAACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAATG
 AAGTATCACGTACTTCTTTAGATTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTTTCTTCTGGAGT
 TTGTTACAGTTAATCCTTTTCGGTGTAACTTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTTAACTTCAGCC
 CCAATACGAATGATTCCTCGTGCACTCTAAGTTTCTAAGTGCATTTTCACCTACGTTTGGAATC
 TCACGAGTAATTTCTTCAGGTCA

<210> 34
 <211> 726
 <212> ADN
 <213> *Gemella haemolysans*

<400> 34
 TGTCATCAACCATGTGTGCAAGTTTAAATCATGTACATTACCCCTACAGATACACGGCTATCAAA
 TGGCTCACCTGTACGTCCGTCATAAAGAACTGTCTTAGCATCTTTAGCCATTCCAGCTTCCGCA
 ACTGTAGACCAAACATCTTCATCAGTAGCACCATCGAATACTGGTGTAGCTACGTGGATTCCA
 GTTGTTTAGCAGCCATACCTAAGTGTAGCTCTAATACTTGTCCAATGTTTCATACGAGATGGAAC
 CCCAAGTGGGTTTAAACATTACGTCAACTGGTGTACCATCTGGTAGGTAAGGCATATCTTCTTCT
 GGTAAGATATTTGAGATAACCCCTTTGTTACCGTGACGACCGGCCATTTTATCTCCTACACGA
 TTTTACGTTTTTGGACGATAAAATACACGAACAAGTTCATTTACACCGTTAGGTAATTCAGCACC
 ATCTTCACGTTTAAAGATTTTAAACATCAGCAACTACTCCATCAGCACCGTGAGGTACACGTAAT
 GAAGTATCACGTACTTCTTTAGATTTAGCTCCAAAGATAGCATATAATAATTTTCTTCTGGAG
 TTTGTTACAGTTAATCCTTTTCGGTGTAACTTTACCTACTAAAATATCTCCATCTTTAACTTCAGC
 CCCAATACGAATGATTCCTCGTGCACTCTAAGTTTCTAAGTGCATTTTCACCTACGTTTGGAATC
 TCACGAGTATTCTTCAGGTCCA

<210> 35
 <211> 719
 <212> ADN
 <213> *Granulicatella adjacens*

<400> 35
 CATCAACCATGTGAGCAAGTTTGATCATGTACATAACCCCTACTGACACACGGTTATCGAATGG
 TTCCCCCTGTACGTCCATCATATAGAATTGTTTTCGCATCACGAGCCATACCCGCTTCTGCAACA
 GTTCCCCATACGTCTTCATCTTGCGCACCATCGAATACTGGTGTGCGATGTAAATACCTAATT
 CACGAGCAGCCATCCCTAAGTGTAACTCTAACACTTGTCCGATGTTTCATACGTGAAGGTACCCC
 TAATGGGTTTAAACATGATGTCAACTGGTGTCCATCTGGTAAGAATGGCATATCTTCTTCCGCGC
 ATAATACGGGAAACAACCCCTTTATTACCGTGACGTCCGCGCATCTTATCCCCCTTCATTGATTT
 TACGTTTTTGTACAATATATACACGAACATAATTGTTTACGCCAGGTGCTAATTCATCACCTGC
 TGCACGTGTGAATACAGTACATCACGACCAATACCGCCACCGCCGTGAGGTACACGTAGAGAT
 GTGTCACGAACCTTCAGGAGCTTTTTACCCGAAGATTGCGTGTAAATAACGTTCTTCTGGTGATT
 GTTCTGTAAACCCTTTAGGAGTTACTTTACCAACTAAGATGTCACCATCTTTAACTTCGGCACC
 GATACGAATAATTCCGTCTGCGTCTAGGTTCTTCAATGCGTCTTCCCAACGTTTGGAATCTCAC
 GAGTAATTCTTCAGG

tggtgttacc	ttaccaacta	agatatcgcc	gtcttttact	tccgccccga	tacagataat	660
cccgtcttgg	tctaagtact	tgagggcatc	ttcggacacg	tttgggaattt	cgcgtgtaat	720
ttcttcaggt	ca					732

<210> 33
 <211> 727
 <212> DNA
 <213> *Gemella morbilorum*

<400> 33						
tgtcatcaac	catgtgtgca	agtttatcat	gtacattacc	cctacagata	cacggctatc	60
aaatggctca	cctgtacgtc	cgtcataaaag	aactgtctta	gcatcttttag	ccattccagc	120
ttccgcaact	gtagaccaaa	catcttcatc	agtagcacca	tcgaataactg	gtgtagctac	180
gtggattcca	agttgttttag	cagccataacc	taagtgtagc	tctaataactt	gtccaatggt	240
catacgagat	ggaaccccaa	gtgggttttaa	cattacgtca	actgggtgtac	catctggtag	300
gtaaggcata	tcttcttctg	gtaagatatt	tgagataaacc	cctttgtttac	cgtgacgacc	360
ggccatttta	tctcctacac	gaatttttacg	tttttggacg	ataaatacac	gaacaagttc	420
atttacaccg	ttaggtaatt	cagcaccatc	ttcacgttta	aagatttttaa	catcagcaac	480
tactccatca	gcaccgtgag	gtacacgtaa	tgaagtatca	cgtacttctt	tagatttagc	540
tccaaagata	gcatataata	atttttcttc	tggagtttgt	tcagttaatc	ctttcgggtg	600
aactttacct	actaaaatat	ctccatcttt	aacttcagcc	ccaatacgaa	tgattcctcg	660
tgcattctaag	tttctaagtg	cattttcacc	ctacgttttg	aatctcacga	gtaatttctt	720
cagggtca						727

<210> 34
 <211> 726
 <212> DNA
 <213> *Gemella haemolysans*

<400> 34						
tgtcatcaac	catgtgtgca	agtttaataca	tgtacattac	ccctacagat	acacggctat	60
caaatggctc	acctgtacgt	cgtcataaaa	gaactgtctt	agcatcttta	gccattccag	120
cttccgcaac	tgtagaccaa	acatcttcat	cagtagcacc	atcgaataact	ggtgtagcta	180
cgtggattcc	aagttgttta	gcagccatac	ctaagtgtag	ctctaataact	tgtccaatgt	240
tcatacgaga	tggaacccca	agtgggttta	acattacgtc	aactgggtgta	ccatctggta	300
ggtaaggcat	atcttcttct	ggtaagatat	ttgagataac	ccctttgtta	ccgtgacgac	360
cggccatttt	atctcctaca	cgaattttac	gtttttggac	gataaataca	cgaacaagtt	420
catttacacc	gttaggtaat	tcagcaccat	cttcacgttt	aaagatttta	acatcagcaa	480
ctactccatc	agcaccgtga	ggtacacgta	atgaagtatc	acgtacttct	ttagatttag	540
ctccaaagat	agcatataat	aatttttctt	ctggagtttg	ttcagttaat	cctttcgggtg	600
taactttacc	tactaaaata	tctccatctt	taacttcagc	cccaatacga	atgattcctc	660
gtgcatctaa	gtttctaagt	gcattttcac	ctacgttttg	aatctcacga	gtattcttca	720
ggtcca						726

<210> 35
 <211> 719
 <212> DNA
 <213> *Granulicatella adjacens*

<400> 35						
catcaaccat	gtgagcaagt	ttgatcatgt	acataacccc	tactgacaca	cggttatcga	60
atggttcccc	tgtacgtcca	tcatatagaa	ttgttttgcg	atcacgagcc	ataccgctt	120
ctgcaacagt	tcccatacgt	tcttcatctt	gcgcaccatc	gaatactggg	ggttgcatgt	180
aaatacctaa	ttcacgagca	gccatcccta	agtgtaacct	taacacttgt	ccgatgttca	240
tacgtgaagg	taccctaat	gggtttaaca	tgatgtcaac	tggtgttcca	tctggtaaga	300
atggcatatc	ttcttccggc	ataatacggg	aaacaacccc	tttattaccg	tgacgtccgg	360
ccatcttatc	cccttcattg	attttacgtt	tttgtacaat	atatacacga	actaatttgt	420
ttacgccagg	tgctaattca	tcacctgctg	cacgtgtgaa	tacacgtaca	tcacggacaa	480
taccgccacc	gccgtgaggt	acacgtagag	atgtgtcacg	aacttcacga	gctttttcac	540
cgaagattgc	gtgtaataaa	cgttccctctg	gtgattgttc	tgtaaacctt	ttaggagtta	600

<210> 36
<211> 21
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence : amorce

<400> 36
AGACGGACCTTCTATGGAAAA

<210> 37
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 37
GGACACATACGACCATAGTG

<210> 38
<211> 21
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 38
GTTGTAACCTTCCCAWGTCAT

<210> 39
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 39
GTCTTCWTGGGYGATTCC

<210> 40
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

ctttaccaac taagatgtca ccattctttaa cttcggcacc gatacgaata attccgtctg 660
 cgtctagggt cttcaatgcg tcttcccaac gtttggaatc tcacgagtaa ttcttcagg 719

<210> 36
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 36
 agacggacct tctatggaaa a 21

<210> 37
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 37
 ggacacatac gaccatagtg 20

<210> 38
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 38
 gttgtaacct tcccawgtca t 21

<210> 39
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 39
 gtcttcwtgg gygatttccc 20

<210> 40
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> amorce

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (8)..(8)
 <223> n représente i

<400> 40
 accgtggngc wtggttrgaa t 21

<210> 41
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 41
 aaccaattcc gyatyggtyt 20

<210> 42
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

<400> 40
ACCGTGGIGCWTGGTTRGAAT

<210> 41
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 41
AACCAATTCCGYATYGGTYT

<210> 42
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 42
AGIGGGTTTAACATGATGTC

<210> 43
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 43
AGIGCCCAAACCTCCATCTC

<210> 44
<211> 21
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 44
CTCCAAGTGAACAGATGTGTA

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(3)
 <223> n représente i

 <400> 42
 agnggggttta acatgatgtc 20

 <210> 43
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> amorce

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(3)
 <223> n représente i

 <400> 43
 agngcccaaa cctccatctc 20

 <210> 44
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> amorce

 <400> 44
 ctccaagtga acagatgtgt a 21

 <210> 45
 <211> 26
 <212> DNA
 <213> amorce

 <400> 45
 ttaccaaact taattgagat tcaaac 26

 <210> 46
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> amorce

 <400> 46
 agtatttatg ggtgatttcc ca 22

 <210> 47
 <211> 26
 <212> DNA
 <213> amorce

 <400> 47
 ggacgttata aaatcaacaa aaaatt 26

 <210> 48
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> amorce

 <400> 48
 agttataacc atcccaagtc atg 23

<210> 45
<211> 26
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 45
TTACCAAACCTTAATTGAGATTCAAAC

<210> 46
<211> 22
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 46
AGTATTTATGGGTGATTTCCCA

<210> 47
<211> 26
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 47
GGACGTTATAAAATCAACAAAAAATT

<210> 48
<211> 23
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 48
AGTTATAACCATCCCAAGTCATG

<210> 49
<211> 23
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 49
TGAAGTTTATCATCAACCATGTG

<210> 49
<211> 23
<212> DNA
<213> amorce

<400> 49
tgaagtttat catcaaccat gtg

23

<210> 50
<211> 18
<212> DNA
<213> amorce

<400> 50
cccaaaacgt tgtccacc

18

<210> 51
<211> 20
<212> DNA
<213> amorce

<400> 51
aaccaagcyc ggtaggrat

20

<210> 52
<211> 25
<212> DNA
<213> amorce

<220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(15)
<223> n représente i

<400> 52
atggtgaacc cactnggggt gccat

25

<210> 50
<211> 18
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 50
CCCAAAACGTTGTCCACC

<210> 51
<211> 20
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 51
AACCAAGCYCGGTTAGGRAT

<210> 52
<211> 25
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<223> Description de la séquence artificielle: amorce

<400> 52
ATGTTGAACCCACTIGGGGTGCCAT

DÉPARTEMENT DES BREVETS

26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08

Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

DÉSIGNATION D'INVENTEUR(S) Page N° 1. / 1..
(Si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

08 113 W / 260899

Vos références pour ce dossier (facultatif)		H52 437 C10/MD	
N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL		0213792	
TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum)			
Identification moléculaire des bactéries du genre Streptococcus et genres apparentés			
LE(S) DEMANDEUR(S) :			
UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE (Aix-Marseille II) Jardin du Pharo - 58 Boulevard Charles Livon 13284 MARSEILLE Cedex 7 et CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS 3, rue Michel Ange 75794 PARIS CEDEX 16			
DESIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) : (Indiquez en haut à droite «Page N° 1/1» S'il y a plus de trois inventeurs, utilisez un formulaire identique et numérotez chaque page en indiquant le nombre total de pages).			
Nom		RAOULT	
Prénoms		Didier	
Adresse	Rue	80, rue de Lorraine	
	Code postal et ville	13008	MARSEILLE
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom		DRANCOURT	
Prénoms		Michel	
Adresse	Rue	9, Traverse de la Pauline	
	Code postal et ville	13012	MARSEILLE
Société d'appartenance (facultatif)			
Nom			
Prénoms			
Adresse	Rue		
	Code postal et ville		
Société d'appartenance (facultatif)			
DATE ET SIGNATURE(S) DU (DES) DEMANDEUR(S) OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		Paul Héraud	
Paul HERARD (CPI 94-1205)			

PCI Application
FR0303293



000000000000

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

☐ **BLACK BORDERS**

☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**

☐ **FADED TEXT OR DRAWING**

☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**

☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**

☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**

☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**

☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**

☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**

☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.